

	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTCAATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGA AAAAGTA AAACAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTTAAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
10	AATAAATATT TGTATTTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGCT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
15	TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGGAATTGTT GGTATATTTG	1800
	GCTATGATAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTGCTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAAACCTCT CATCCACATC	2040
30	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
	TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTCAGA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
35	TGTGTCAATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTGGTGAA GGTTCCAATG	2340
	TTATGGCATC AGACGCACCTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
40	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
	TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAACCTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

5 TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTCAG 3000
TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT 3060
TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA 3120
TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTG TTTATCGGAC 3180
GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA 3240
10 TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG 3300
AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA 3360
ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG 3420
15 AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTC ATGTACATGA ATTGTTAAG CCATTAGTAT 3480
CAGTGGTTC ATTACAATTA ATTTCTACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG 3540
ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACCTTT TTAGAATCAA 3600
20 TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTATAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT 3660
TTTTAGGTG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT 3720
25 GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA 3780
AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC 3840
GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA 3900
30 AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTAAATG 3960
CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGA ACCTTTTCGG TAAATGCCA GGCAAGGTAG 4020
GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAATGGA 4080
35 AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG 4140
GTGTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG 4200
TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC 4260
40 GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTA GATGAGCCAG 4320
CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG 4380
ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAATGCTA 4440
45 ACTTTTCCAA AATTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG 4500
ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT 4560
GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA 4620
50 TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA 4680

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800
 TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4846 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAAATTACT CGCCTTGTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60
 TTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120
 TCGTTTTTCT AAATTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTAA CATTACCTTT 180
 TGCTTGTTCA AATTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240
 TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTACTTAAAT AATTTTGTAT 300
 ATTGATTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG 360
 GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420
 TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCAGCGA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480
 GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAGCCC AGCAACATCA 540
 CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600
 TTAATGAAGT CTTGAATATC TTAGATTGT AATACITCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660
 TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720
 TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTGTT CGATTGCAA GTTCGAATTA 780
 ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840
 TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTTTATTC TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900
 ATTTTACGC CTTTTTGTAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960
 CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020
 CTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTTACG 1080
 ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140
 GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGAATCGTT AATTGTTTAA 1200
 ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
20	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTCGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTTCT TTATAATTTT ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAACT TTGTCGCTCA ATTAACCTTT TTTCGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTG CTTCCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTTCTGTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCCTTAA TTTTITAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTTCTCTG TTGTTTGCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAACA	2820
45	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCTT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

EP 0 786 519 A2

TFCCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG 3180
 AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAAACTTTA TGTGAATTGG 3240
 5 CACCATTCTT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG 3300
 ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTTGCTCA 3360
 10 ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATTT AAATGCATAA ATTCGTTTTA 3420
 CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTTGC ATATCTTTAC 3480
 AAAACTGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTCATTAG 3540
 15 CAATGTCTAA CATTCTTTCT GAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA 3600
 TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA 3660
 TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA 3720
 20 GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA 3780
 CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT 3840
 CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATAAGT 3900
 25 GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTT CATGAGTACA AATAATATTG 3960
 ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACCAATTATC 4020
 ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAATC AATAAACATC TGTCCTGTA 4080
 30 TCATTTTACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT 4140
 ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC 4200
 TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG 4260
 35 AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT 4320
 AAGTĒAGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCCAA CATAAAGAAA TACTTTTTCT 4380
 TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTAATCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC 4440
 40 ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG 4500
 TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA 4560
 45 GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG 4620
 ATGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG 4680
 GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT 4740
 50 AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA 4800
 TACATGTAAT CATCAAACTT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA 4846

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1843 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

5	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
10	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
15	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
20	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
25	TATTTAACTA ATGGTGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
30	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAACTAAT TTTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
45	AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT	1140
	GGAGWAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTCCGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

	CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA	1560
	ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT	1620
5	CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA	1680
	CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA	1740
	AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA	1800
10	AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC	1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

	TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA	60
25	CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA	120
	GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG	180
	TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC	240
30	CAACTTTTTCa TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA	300
	ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG	360
35	CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT	420
	AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT	480
	GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTc GCAAAGTAAA	540
40	ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA	600
	ATCCTTTTTc ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT	660
	AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA	720
45	TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAAGTTGTA AGCTGGTACC	780
	GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA	840
	CCATCGTTAT TTACACGTTc TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA	900
50	GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA	960
	TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTc AGCACGACGA	1020

EP 0 786 519 A2

GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT 1140
 ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GCTCATAATT 1200
 5 TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGACT 1260
 GTATAGTATG ATCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA 1320
 CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT 1380
 10 AAACCATTAAG GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT 1440
 AATGAGTCGC CTGCTTGTTAC TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG 1500
 15 CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT 1560
 AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT 1620
 GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA 1680
 20 GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC 1740
 ACTTTAAAAT CCTCCTCTTG CTAACTTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA 1800
 CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA 1860
 25 CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAAT TATTACAAC 1920
 TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT 1980
 ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA 2040
 30 AGCATGAACT TTGCTTGTTAG GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC 2100
 CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA 2160
 35 CGCTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTATC 2220
 CAAGTCTTTG TCATTAACCTG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTGA 2280
 TTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTtagg ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT 2340
 40 ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC 2400
 AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA 2460
 ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT 2520
 45 TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT 2580
 TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT 2640
 TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTTGGAATG CATTCAATC 2700
 50 AATATCACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC 2760
 CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCATT 2820

55

EP 0 786 519 A2

	AAGTGCTACG ATAAC TAACC CAATCAATCT TTTCATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
15	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AACTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GcACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACCT GTTCGTCAAT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTCATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGcCATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTCGA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TCGGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGTCTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

	TAAGAGCATT	ATATGTAAAA	TGTCATATAT	CGTcAATACA	ATTTGCCGAA	TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA	TAAGTAATTC	ATGTGACAAT	GACGAATTGT	GAGACTACTA	TGACATTTAT	4800
5	CAAAATTAAAT	CCATAAAAAAT	GTCCACCAAT	CCTCCACAAC	GCAATTACTA	AATATTAAACA	4860
	TCGCACAAAA	AAGCACTAGC	ATATTCAAGA	ACAACAAACG	TTGAACTCAA	AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA	TTATTTTATAA	AGTATCTAGT	GCTTGTTTTA	AATCATCGAC	TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA	TACCTACAGA	AATTCTTACA	AGTCCGTCTG	TAATACCTTC	TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG	GAATGGATGC	ATGTGTCATC	AATGCAGGTA	CTGAAATTAA	ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC	TTTCAGCTAA	TGTGTAATAC	GATGTGCTT	TAATCAATTG	TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT	TCACTTCAAA	TGCAATCACA	CCTGTATGGC	CATCCGCTTG	AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT	TTAAATGACT	TTCAATACTT	GGATGGAACA	CTTGTTGCAC	AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA	TTTTAATAAT	TTCAATAACG	CTGCGATTAA	TTTGTTCCTT	ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA	TACCCCTCAC	AAGTAAATAG	CTATCTTGAG	GTCCTAAAAT	GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA	TAAATGCTAA	ACGTTCTGCA	AGCTTGTCAT	CCGATGTTGC	AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT	CACTATGTCC	ACCTAAATAT	TTCGTTGCAG	AATGTAAGAC	AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA	ATGGATTCTG	ATAATAAGGT	GTCATAAATG	TGTTATCAAC	AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT	CTTTCGCAAT	TTCAGCAGAC	TTTTTAATGT	CAGTAACACG	TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG	TTTCAATAAA	CAACATCTTT	GTTGTTGGGC	GTATCGCTTG	TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG	TTGTATCTAC	AAAATCCACT	TCAATGCCAA	ATCGTGTAAA	TACTTTTGTC	5760
35	AATGCGCGAT	AAGTACCGCC	GTATACATCT	GAATTTAAAA	TAATATGATC	TCCTTTGTCC	5820
	AACAGCATAA	CAACTGCACT	GATTGCTGCA	ACACCTGAAC	TAAATGCAAA	GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA	ATGTCGCAAT	AACGCTTTCT	ACAGAACTTC	TTGTTGGATT	CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT	ATCCTTGACG	TAAATCACCA	ATATCATCTT	GTAAATATGT	ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG	TTGTAACGGC	ACCTGTATAA	TCGTCTGTTG	TGTGCCCACC	ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT	TGTTCAATTAT	TATTCTCCTC	ATAATTAAAT	ATTTGCTTAG	ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA	TCTGGAAATA	CGACAACAAT	CGTACCTTCA	GATAATTGCG	CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT	TGTAATGCTG	CACCTGaAGA	ACTGCCTACT	AACAACCCTT	CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG	ACATTTTCGA	AGGCATCTTG	ATCTTTAATC	GTAAATATCC	CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT	AAAAATATCG	GCCATTTCTC	AGAACCGATA	CCTTCAGTGT	CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT	CCATTTAACA	CGGACCCTTC	TGGCTCAACG	GCATAACATT	GCACGTGATG	6420

55

EP 0 786 519 A2

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AACTTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTC TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
15	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAATAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTGCA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTGTCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
35	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTTAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGAGAG TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4328 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGTkGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCAAT CATTAAACAAA 120
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300
 30 CAATGTTATT GATTATCTT TATATTTATC TAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTGA TGCTGTTTAA 600
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACATGTGG 660
 CATTTTTAAA TTCTGAAACA CTGTAAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780
 45 TTTCTTTTTG TGGTAAATAT GAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAT AATACAATAT 840
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960
 50 TACCATCAAT ACCATTCGCA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

EP 0 786 519 A2

	TAATTTCTTT	ACGCCCTTTT	TTCTCTAAGC	ATTGCCATTT	TTCTAACCBA	CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT	GTCTTCCATT	AATGACCTAA	AGAAATCATT	CGCAGAAATC	TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC	TATCGGAAAG	ACATCAATCT	TATCATTGTT	TTGCACTAAT	ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT	CTTTAACCAT	TGATTTAACT	TTTTAGAAAT	CACTGGTTTC	CCAACACGAA	1380
10	TTACGAAATC	CACATTTAAG	TCTAAGCCGC	TTCTAAACAG	CAAATCATAT	GTACAGATAA	1440
	CATTCGGATG	ATCAAATTTT	CTTAAATGAC	TTAAAGGATC	AGCTAAAATA	GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA	ATACGTTAGT	ATTTGaTCAA	CTTCTTGGTG	CTGCATATCC	CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT	TTTCTTATTT	AAAATGTGTC	TTAATGCCGA	TGCATCTATA	CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA	AATCTTCATC	TCAGAAGTTA	ACAATTCTGT	TGCATTCAA	TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT	AAATGGCAAG	TTAAAAAGAA	TTGGCCCTTT	ATGTGGTCCA	TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT	TTGCATTTGA	TAGTAAATTG	CATCAATGGT	CTCTTTACTA	TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC	GAATCATAA	CTTACATAAT	TATTAAACAT	ATTTACTTGA	TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC	TACACTTCTT	AATTCATGCG	GACGGTCACT	TGTTAAAACG	ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT	TTGGCTTTCA	GCAATTGCAG	GCGTATAATT	CGCTGCTGCT	GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT	AGCGACAGGT	CTTTCCTGTC	CTTTAATTAA	CCCAACTGCA	AAAAACGCTG	2040
	CACCTGCTC	ATCGGGGTGT	ATCCATGTTT	TAATATTTGG	ATGTGCTTCA	AATGCAAGTG	2100
30	CAAGTGGCGT	TGAGCGTGAT	CCCGGACTGA	TAACTACTTC	CCTTACGCCG	TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC	AAATGTAAAA	ACTTGCTTCG	TTAAAGCTGC	TTTATGATTT	CCCATTGATA	2220
35	TCGACTCCTA	ATGCATTCAT	CATAGGTGTG	AACTTAAGGT	TCGTTTCTGC	CAATTCATA	2280
	TCTGGATCAG	AATCTTTAAC	AATGCCACAC	CCAGCAAATA	AAGTTGCTTG	TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG	AACGAATTGC	AACAATAAAT	TCACAATCAT	CGTATATATC	TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC	CATATAATCC	TCGCGTACCA	AATTCCTTCT	GCTCAATAAA	ATCCATTGCA	2460
	AATTCCTTTG	GATAGCCACC	TAAAGCAGGT	GTTGGATGTA	AATTATCAAT	TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT	CCTTCAGTGG	CGCCTTTATT	TCAGTGTACA	AGTGATATAA	ATGATCATTT	2580
45	TTTAGAATTT	TAGGCGTCTT	ATCATAATGT	AATTCAGTGA	TATAAGGTTT	AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT	CAACAACAAA	TCGATGTTTC	ATTAAGTTTT	TATTATCTTT	TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT	TTGTATCTTC	GTCCTCATCT	TGTGAACGTT	TAATGTACC	TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA	GTATTTTATT	ATTGACCTTT	ATTAATTGTT	CAGGTGTTTG	TGAAAAGAAT	2820
	ATAGAATCTT	GTGATTCTAA	CAAGAATATA	TAACTGTTTT	TTTCTTTAGA	ATATGCTTGC	2880
55							

ACAATTTTTT CTTCAATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240
 10 AACCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420
 15 CGATCTCCTG CCTCATGTG AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTC ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATTA 3600
 TTATATTGTA TCATTTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAATA 3720
 25 TGATTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840
 GGTACAGCAG CATCTAAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960
 TACTATGATT ATAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200
 40 CCTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260
 TTTATTCAAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGATACC TATAGTAATC 4320
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
10	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAAC ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACCTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
30	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATTrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATAITAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180
 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240
 10 AAGGTTATTA TGTGTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360
 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420
 15 AAATTGTAGA TTATTGTGCA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840
 TGGGGAATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAATAA GCCTTAACAC 960
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020
 35 GTTATACTAT GGAGGATTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080
 AGTAAATGTA TATTTtTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2931 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTG AGTTGATTTT 120
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTC AAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTTGTA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAAGC CCATCATTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTC AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTGTCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGa AACGATATTG CTGGTGTAAT 2160
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280
 10 TTTGAGAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTTCTTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340
 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460
 15 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640
 20 TGTAATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTChTTT 2880
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAaTG GTTGACAGCAG ACGTGTTAAA GGCAAATGAT 120
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACAG CACTGCAGTA AAAAACTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACCTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCG TGTTAAGACC 780
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840
 TGCGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAACT TTGATGAAAG 1020
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080
 ATTTTLAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAGG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATT C A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2202 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCnAACGATT GAACAAGAAT 60
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAnGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420
 TTTGTATGTC TCAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAc TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA 600
 GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA 660
 8 GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG 720
 TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC 780
 10 AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTTATG 840
 GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTTATG 900
 GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA 960
 15 TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAACAGTA AAAATAAAGG 1020
 AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA 1080
 GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT 1140
 20 AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC 1200
 TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG 1260
 TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTT GTATTTTACG 1320
 25 TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA 1380
 AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAATAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC 1440
 30 TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC 1500
 TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA 1560
 ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA 1620
 35 CTTATTTGAG CGTGTAACAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA 1680
 TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG 1740
 TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG 1800
 40 TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT 1860
 TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA 1920
 45 AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT 1980
 TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG 2040
 AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA 2100
 50 CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT 2160
 GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT 2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

(A) LENGTH: 785 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

10 AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA 60
 ACCTAAACAG AAGAaATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG 120
 AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA 180
 15 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT 240
 GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA 300
 CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG 360
 20 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT 420
 CTTACGCAAA GTAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA 480
 25 AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA 540
 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA 600
 CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT 660
 30 AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA 720
 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT 780
 TCTTC 785

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45

CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTtAATGAT 60
 AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT 120
 50 TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC 180
 ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT 240
 55 GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT 300

	ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT	420
	GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA	480
5	TTTTTAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT	540
	TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT	600
	TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT	660
10	TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA	720
	ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGTnAAAATG	780
15	CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG	812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

	ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT	60
	TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT	120
30	GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA	180
	TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT	240
35	GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA	300
	AAGAAATTAA TTAgtTGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC	360
	AAATtCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA	420
40	CCATTTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT	480
	GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA	540
	TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT	600
45	AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA	660
	TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA	720
50	AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA	780
	ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA	840
	AAACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC	900

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTtAT 1200
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACTTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380
 GTTATTCA CA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAGAT GCTGGATATG 1440
 15 CCTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTAACAG CTTGAAAAAT 1500
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTcAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2779 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTTCAGCAG TACAAATTGT 240
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300
 45 AATTGGTTAT GGAAC TGCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCTG 420
 TAATGTTATT AAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTAC CACTTTTATT 600

EP 0 786 519 A2

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TGCGTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCGTTT TGAACATTTA ATTACAGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTGCGCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaTACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATG ⁵ TGCaAG TTTGGGATGG GCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATG ⁵ CAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TCGTGAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAAa TACAa ^m TGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTG ^r GCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATG ^g CACGGATGAA AAACGTTTTa TCmGa ^a ACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TGCGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

EP 0 786 519 A2

	CAAACCTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA	2520
	TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT	2580
5	TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT	2640
	TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT	2700
	CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA	2760
10	GAAACCGCTC AATAAATAA	2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

	ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA	60
25	TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA	120
	TGTTTTCTCG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT	180
	TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG	240
30	TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT	300
	ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT	360
35	TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTTGA	420
	GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA	480
	TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT	540
40	ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA	600
	ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTATTTA CCATAGAAGT ATAATCCTTA	660
	TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCAATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA	720
45	TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT	780
	GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG	840
	GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT	900
50	TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAAG CTTCCGGTGTA	960
	TAATTCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA	1020

CGCTGGGGCC CAAATTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140
 TTCAGTTAGA GTTGCTAACT CTTTGTCTTA AGTACATTTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200
 5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260
 CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTCa GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320
 ACnGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACCTCTCT GTGCACAAAG 1380
 10 AATTTTGTGA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440
 CACCCTTCAA TTTAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500
 15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560
 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620
 TTTGGGGCGT ATTCTTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTCATGTTT 1680
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAATTCG 1860
 25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTa GGTTTAGCGC 1920
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980
 TTTCCAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1933 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTTA AATACTGCAT ATTCATATAT 180
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240
 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300
 50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

EP 0 786 519 A2

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840
 TCTATCTGTA ATATTGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900
 15 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960
 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020
 TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGGG AAATACTTAC GTAATTCTTT 1080
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT 1200
 GCCGCCTTTT CTAAATTCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATTT TACCATTTTG 1260
 25 TGTCTCTAAT TCGTTGTATT CTCTCTCTTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500
 TAATACAAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG 1560
 AACACGTTCC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620
 35 CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680
 TTCAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAAATTGT TGCAATTTC AATTCTTGAC CTTTAAACAA 1740
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT 1860
 ATTAACCTCT ACTGGGAACT CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT 1920
 45 GTAATCGATC ATT 1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGThCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGCCTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTTA TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAAACTT TTGGGATATC	960
	TAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAAACT ATTAAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTAATATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980
 10 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040
 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120
 TTCATCTTCA TTACTCCTtt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180
 30 GAATCGTCCA ATCATTTCCA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240
 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACACC ACATTAACAT 300
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360
 35 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420
 TATTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480
 CCTCATTtTTT TGTCATTCT CTTATTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCATTCTAT 660
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAATaC TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTT 900
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(A) LENGTH: 1268 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: doubl
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTCTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCAATTCAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
25	CAAATTCCTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTCGAATGT	540
	GTTCACTCTC ACAATTTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTCTG TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTCAAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC ^H TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTTGC GGTGTTAGAG CGATTTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 629 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAaATTGTG ATGATATCAT 60
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTTAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240
 TCAAAGGATA GTGTGCGCC AATTTTAATG TCATTAAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480
 GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTTGTG CCTTTTAAAT 540
 20 ACGtGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TctatATAcC TCCACTAtGT CTAAAGakGT 600
 TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2817 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60
 AGATAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120
 40 TAACTTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180
 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTATG AATAAACCTA AATTTTTAAT 300
 45 CTTGGATGAG CTTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGACTACAAT 360
 TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT 480
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA 600

55

EP 0 786 519 A2

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaATCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCTG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
10	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTGTGT	960
	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GATACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
30	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTGT TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTGA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAAAT GCAAATCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
50	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
55	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

	TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG	2520
	AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT	2580
5	TTGAtGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGa TTCgGATATA	2640
	AAAGrACaAA ACTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT	2700
	TAAAATTAAA CTTACTTTTAT CAAGATTTAG AAATTAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT	2760
10	AGCTTTTAGGT CTAAAGTTw TAAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC	2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1607 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

	TCTGTAAAA TGATTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTGATT nTTATTTGCA	60
25	TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC	120
	ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA	180
	CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG	240
30	GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT	300
	TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT	360
35	TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA	420
	ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC	480
	gTGGgGACAA TAAGATTGGT ACAAATAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG	540
40	TTCAACGTAT CGGTATTCTG ATGCGAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT	600
	TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC	660
	CATCATTGTA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG	720
45	TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG	780
	AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA	840
	GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA	900
50	AGGTAATTGG TGTATGTAAG GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG	960
	AATTATTCGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA	1020

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAAC TCAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAAC 1200
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500
 15 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560
 rTTAgATGAt AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACtTGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3055 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60
 30 GGATTTTCAG CATGTTTATT TGATTTATTC ACCTGTTTCAG ATCTATTTAC TTTATTACCT 120
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTCAT CAATCAACCA 240
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300
 GACATAACTG TGTCGTTTCG ATAAAAACAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360
 40 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTATT 420
 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAAACAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780
 AGAAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTT	GTGTTTATTT	ATTTCCTTT	TCCAAATAAG	TCTCCAACCA	ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT	AATGACAATA	CATGTCGTAC	TAATCGTTGG	TAAAATTGGA	ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT	AACCTAATTA	ATCTAGATCA	AAGTAAGTAA	TGAAACAATC	ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT	CACTAAATAA	TTTAGTGAAT	ATATAAACAT	TTGTGTTGCC	CATTTTGT	1140
	GATCTGAATT	TTTCTTAAAT	GTGTTAAAC	CTAATGCAAT	CCATCCTAAA	TTTAATAAGG	1200
10	TrGCTAACAC	TaCGAATACG	ACACCTAAAT	TTATTAGTAA	TAAAGGTACT	GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA	GATAAACATA	CTGACACGTG	TACGTTTAAA	GCCCTTAACT	GATGGTAACA	1320
	TTGGAATATT	TGCAAGTGCA	TATTCATCTT	TACGTTTAAAT	AGCTAAGGcA	TAAAAATGAA	1380
15	TTGGtTGCCA	AcMAAATACA	ACTAAAAACA	GCGCAATCGC	TGTTAAACTA	ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC	CCATCCAATT	AGTGGTGGTA	CTGCTCCAGG	AAAACCTCCA	ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT	ATGTCTTTTA	GACCATATTG	AGTAATAAGA	CACATAACCT	ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG	TACGCCTGAT	GGTATATTCA	ATAAAAACAA	ACAAATTTCT	CCAACATAACA	1620
	TCATACCAAA	ACTTAATAGT	AATAAATTTT	GATCTGTAAT	TCTATTATTT	ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGT	ACTAGGCATA	ATACGATCAA	TATCTTGGTC	GTAATAATTA	TTTAACGCAC	1740
	ATGCGCCACC	CATAATTAAA	GATAGTCCAA	ATAGCATTAA	TAAAATTTGA	GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA	ATGATTTGTC	ATTACAACCTG	CTAGCCATGC	GcCGCAAAA	GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG	AACAAGTCCC	ATTTTAATTA	TCTGTTGCAA	TTCTTTGAAG	TTAACTCTGC	1920
	TAATATTTTG	TGACmaAGTA	TGCTCTTTGC	TCATAATCCC	CCTCCTTAAA	TTTGTTTATA	1980
	TAAGATTATG	ATATCTTAGA	TTGCATAAAA	AGACTAGGTT	TAATAAAATT	AAATTGTGAC	2040
35	AAATTAAACGA	CAAGAGAAAA	TGTCAATTTT	GTGACACAAA	TAACATTTAA	TTTATTGCTA	2100
	TAATGTATAT	GTTAGAAAAT	TTTAATAAGT	AGAATCATGC	ATCTAAAAGA	GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA	ATTTGAGTAA	ACGTGGATTA	CATAATTATC	CCAATAAAAA	AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT	TTTTATGTCG	TCCACATACA	ATACTTGTA	AATTAAATCA	TATTTCTGTC	2280
	GTTGGATCCC	ATCTTTTCAT	ATCCTACAAT	CAGGTCTATT	TATAGTATCA	TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAAT	TCTAATTCTC	AGTGATGCGT	TTTTTTATGA	TGGGGTGTAT	AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA	TTTAAATG	TTAGGTGTCG	TAGCAACGTT	AATGATGACA	TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC	CTTAGTTACC	AAAACCGGAT	CAGCTGATGG	TTGTGGTTCT	TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG	TGCGTTGATT	CCAGAATTCT	TTCCTATTGA	TACGATTATT	GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT	TTCAGCTTTG	TCTTTATTAA	TGGTCTTATG	GTTAGTTATC	ACTGCATGGA	2640

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA AAAAAACGAT TACGTTTTAG 2760
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820
 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000
 CCACATTGAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 748 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAAATG ATCCGTATAA 60
 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240
 TTAATTAAAG AAAGTAGTAT TTAAGTGTAG GGAAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420
 AGAAATATGA GGTTTTAAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540
 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaACT ATATAGAGCC 660
 TGTCAGTGAT CaAATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720
 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4718 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACITTT TTTGTG _a AAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACtAC ycTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAAGAAC GTTTGT _T AcC	240
10	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAc ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTcGCATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGFAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTcG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAAc GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

	TGaTGCTCGT ATTTTGAAG TAAGAAAAAA GTTGTTTTAA AAATTACAAC GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT TATATGTTGA AAGAGTATTG CaGATTAAAT TaTAATAATG ACGAaGgTAA	1860
5	AAATTTAATGG GGGTTAATGT TCATGCGAAG ACACGCGATA ATTTTGGCAG CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG AAATCTAAAA AGTATAAAGT GCTACACGAG GTTGCTGGGA AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA TTGGAAAGTG TGAAAGGCTC TGGTGTGAT CAAGTTGTAA CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT GAAAGTGTA AAGGACATTT AGGCGAGCGT TCTTTATACA GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACCT GGTACTGCGC ATGCaTGCAA ATGGCGAAAT CACACTTAGA AGACAAGGAA	2160
15	GGTACGACAA TCGTTGTATG TGGTGACACA CCGCTCATCA CAAAGGAAAC ATTAGTAACA	2220
	TTGATTGCGC ATCAGCAGGA TGCTAATGCT CAAGCAACTG TATTATCTGC ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG GATACGGAAG AATCGTTCGA AATGCGTCAG GTCGTTTAGA ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG ATGCAACGCA AGCTGAAAAG GATATTAATG AAATTAGTTC AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA ATAAAACGTT GTTTGAAAAA TTAACACAAG TGAAAAATGA TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT ACCTCCCTGa TGTATTGTCG TTAATTTTAA ATGATGGCGG CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA CCAATGATGT TGAAGAAATC ATGGGTGTAA ATGATCGTGT AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA AGGCGATGCA ACGTCGTACG AATCATTATC ACATGCTAAA TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC CTGACAGCAC TTATATTGGT CCAGACGTTA CAATTGGTAG TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG GCGTACGAAT TAATGGTCGT ACAGAAATTG GCGAAGATGT TGTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG AAATTAACAA TAGTACGATT GAAAATGGTG CATGTATTCA ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG CTAGCGTAGG AGCGAATACT AAGGTCGGAC CGTTTGCGCA ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT TAGGTGCAGA TGTTAAGGTT GGAAATTTTG TAGAAATTAA AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG GTGCCAAGGT TTCACATTTA AGTTATATTG GCGATGCTGT AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA TTGGTTGCGG AACGATTACA GTTAACTATG ATGGTGAAAA TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG GCAAAGATTC ATTTGTAGGT TGCAATGTTA ATTTAGTAGC ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG ATGTATTGGT GGCAGCTGGT TCCACAATCA CAGATGACGT ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG TGGCAAGAGC AAGACAAACA ACAAAGAAG GATATAGGAA ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA AATGGCTAGG ATAAAAGGAT AATCCTATGT AATATTAATG TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA TTCGCATAGT AATGGAGTTA CATyTTATAT ATAATAGTAA TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG AGGACTATAA ATGTTAAATA ATGAATATAA GAATTCGTCA TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA AGGAAACGAA GCATTAGCGC AAGAAGTTGC TGACCAAGTA GGAATTGAAC	3480

55

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780
 10 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840
 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960
 15 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTGC TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020
 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380
 TGTATAATAG TTTTCGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTATCGAA 4680
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3181 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGAAT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACCT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
15	AATTTACATC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTCTGTC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAGcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCTCTCTTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
40	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTT TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CcTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTG TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAAATTTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

55

EP 0 786 519 A2

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520
 15 aAATGcACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580
 TAAAAATAAA TTTAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640
 AATACCGATT TTAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTTCGCAA GTTTAATATT 2700
 20 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAACTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000
 30 TAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCGC 3120
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCTGc ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180
 35 T 3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4029 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60
 50 TGTGTCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTt AGAACCACAA 180

55

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA cTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGG ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGaTATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGtCtCTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCAACAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTTA ATTCCTTCAA CTATCATTC	1320
	AGTTTCAGTA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTGCG GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTcAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTc TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

EP 0 786 519 A2

	CAAAGTGCGC GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACCTT ATTATAATGA TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA	2280
10	CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA	2340
	TGACAGATAA TATTCCTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAAA TGACTTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn	2460
15	AATCCAGGTA TTTCACTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC	2520
	ATATTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTTAA ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA TAGGTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACACTGT TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACTTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAAA CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA AGTGACATT ATTAATAAT CAATTTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTGCGC TCTTTTCTCG TTTGTCAGA TTCAAACGTT	3120
35	TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTCTTTGTGT TTAATTTTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA	3180
	AAAAAGAGAC cTCACGGTCT CAACTTGCCCT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTCTCTC	3300
40	TCCTTCGGCT CTCGCTTACT CATTAGCTC TACTAACTC GTTGCGCTCT TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATTC AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTC TTTGTGTTTA CTTTTTATTT	3420
	TGACGTTTTA GrCATAAAAA AAAGAGACcT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GwCGCTAaG	3540
	aCCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGT TCTTTCTCT yCTTCGGCTC TCGCTTACTC	3600
	ATTAGCTCT ACTAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG CCATTTTCT TTGTGTTTGC TTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTTGCTGG CAACGTTCTA	3780

55

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900
 TTCAAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCm CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGaGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360
 30 AGGTGCGCGT AAAAAATCA CTGTATTTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540
 35 GGCCATGCTG aCCATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600
 TTGFTTGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGCTTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960
 GTACTAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020
 50 AAATCGACCG CGTTGTTAAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTTAAAGAAT AAAGTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATTT GGTGGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTGTCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTGTATTG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGGCG GAGAATTTGA ATTGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

EP 0 786 519 A2

TGTGTTGATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC 3060
 GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA 3120
 5 ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC 3180
 AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA 3240
 10 AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT 3300
 ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA 3360
 TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG 3420
 15 AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT 3480
 TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG 3540
 ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG 3600
 20 ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG 3660
 CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG 3720
 GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT 3780
 25 CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT 3840
 AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA 3900
 ACTGATTTTCG AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA 3960
 30 ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT 4020
 CATGTATTGC TTTTGGCCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC 4080
 AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT 4140
 35 TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC 4200
 AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTTAGAT 4260
 ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT 4320
 40 TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT 4380
 GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA 4440
 45 GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT 4500
 AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG 4560
 AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT 4620
 50 GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT 4680
 AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA 4740

55

GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA 4860
 5 TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC 4920
 TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA 4980
 ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA 5040
 10 CGATACCGGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT 5100
 TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC 5160
 TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG 5220
 15 CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA 5280
 AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA 5340
 TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC 5400
 20 AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAAT AAAAATAAAG GTGTTAATAT 5460
 CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT 5520
 GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT 5580
 25 AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA 5640
 CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA 5700
 TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA 5760
 30 CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTCTGAAT 5820
 GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA 5880
 ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA 5940
 35 AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTTGA 6000
 AACCCCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA 6060
 40 GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTACAACC 6120
 CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC 6180
 GATTCTTACA GATTGAGGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC 6240
 45 AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA 6300
 GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG 6360
 TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG 6420
 50 GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT 6480
 ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA 6540

55

EP 0 786 519 A2

	AATGGTTGAA CATAcAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT	6660
	AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT	6720
5	CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT	6780
	TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC	6840
	ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACTTTTGG	6900
10	TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG	6960
	ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCTTCG AGCAATATGG	7020
15	ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC	7080
	ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA	7140
	ACAAAACTG TGCGAAACA	7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3159 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

	TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA	60
	AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA	120
35	ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG	180
	CTTCATTAGC TCTAGAAcAA CATATTCAGA CTTAACAAAAA TATCCATATA TTAAAAGAAT	240
	GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAaAACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT	300
40	TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA	360
	TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC	420
45	TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA	480
	AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC	540
	ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTCGT	600
50	CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC	660
	ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA	720
	CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA	780

EP 0 786 519 A2

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTTAA TAATAACAAC TGATTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTTAACTT GAAAGCTTaa ATAAATATTA	1080
10	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtagATG GATTCATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
	TTGTATTTTA CAAACATTAA TAAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
15	GCTTTTtagCA TTCCAAACAA AAAAGGTTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTTAACTTA	1320
	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTTAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTTGCCCCCTC TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGctAAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
30	TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAAATC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTGCGC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTACTTACGG	2220
45	AAGAAACATG GATGTCACTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
50	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
55	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAAATTTT ACAGATTTTA ACATTTAATT	2580

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700
 CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTtTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880
 AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120
 ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

GCAAAAACCTT TTCTCCAACCT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60
 30 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTA TTTGCATTAT 120
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240
 ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAAT ATTTTATTTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360
 40 CTGCATGCCG AAACAATTTC TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480
 CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACCTAAAT 540
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720
 ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT 840

	AAAAACCTAA	TGcTAAGATC	AAAGCAATCA	AAGGTAATGC	TGAACAAAGT	AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC	TAAAAAGCA	GATGATGAAA	CAGTTCAAAA	ATTCAATGAT	GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA	AAACGGTGAA	TTAGCTAAAA	TAGGTAAGAA	ATGGTTTGGT	CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA	ATAGCGAACA	ACAACATGCG	CTAGATGCTG	CAAAACAAGC	TTTCGGACCT	1140
	ATGCTAGAAG	GTTTGGTCAA	ATATTCAATT	CCTATTACAT	TAGTTACATT	TGTTTTAGGA	1200
10	TTGATTATTG	CATTATTTAC	AGCATTAAATG	CGAATTTCAA	CGAGTAAAT	TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG	TCTATGTATC	TATTATTCTGA	GGAACACCAA	TGATAGTACA	ACTATTTATC	1320
	ATATTTTATG	GTATTCCAGA	ATTAGGTAGA	TTATTAACAA	ATGACGCTGA	CAACCAATGG	1380
15	ACATTGGCAC	CTGTAGTGGC	TGCTATTATT	GGTTTATCAT	TAAATGTAGG	TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA	TTCTGTGGCGG	TATTATTTCT	ATACCGAAAG	GACAAACAGA	AGCTGCATAT	1500
20	TcCaTCGGTA	TGACGTATGG	TCAAACGATA	CAACGTATCA	TTTTACCGCA	GGCAATTCTGA	1560
	GTGTCGATTG	CTGCACTAGG	TAATACATTT	TTAAGTTTAA	TCAAAGATAC	ATCATTATTIA	1620
	GGATTTATTT	TAGTGGCTGA	AATGTTTAGA	AAAGCTCAAG	AAGTTGCGTC	TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA	CAATTTATGT	GTTAGTTGCG	CTAATGTACT	GGGTGGTATG	CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC	AAGGTATCTA	TGAATCTTAT	ATTGAAAGAG	GGTATCGCTC	ATGATTCAAT	1800
	TGAACAATAT	CCATAAATCA	TTTAATGATG	TTGAAGTCAT	CAAAGGTATT	GATTTATCTG	1860
30	TTGAACAAGG	TGAGGTTGTA	ACCTTAATCG	GTCCGATCTGG	TTCAGGTAAA	ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT	TAATGCATTA	GAAATTCCAA	CTGAAGGTAC	AGTTTATGTT	AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC	TAAAGATAAA	AAATCACAAA	TAGAAGTTCTG	TAAACAGTCT	GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA	TAACCTTTTT	CCGCATAAGA	CGGCATTAGA	AAATGTAATG	GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA	AAAGTTGAAA	AAGGATGAGG	CACGTGGGAA	ATCACTTGAG	TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT	AACACATGTC	AAAGATCAAC	GTCCACATGC	ATTATCAGGT	GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC	TATTGTCAAG	AGCACTAGCA	ATGAACCCTA	AAGTGATGTT	GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG	CACTTGATCC	TGAACTTGTC	AATGATGTTT	TAAAGGTTAT	TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG	GCATGACAAT	GGTCATTGTG	ACACATGAAA	TGCGTTTTGC	TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA	TTGTATTTAT	TcmTGAAGGC	ATGATCGGAG	AACAAGGGGC	TCCAGAAGAG	2460
	ATGTTCAATC	GTCCGAAAAC	AGAAGAATTA	AGACGTTTCT	TAAATGTTAT	AAATGAAGAA	2520
50	TAATCAAATA	GAACCACGTA	TCATGTTTTA	GTATGGCGAT	GAAGCCATAT	ACATGATGCG	2580
	TGGTTCTTTG	TTATGTTGTC	ATAATCTTGG	AGCGATATTT	TAACGACGTT	TATGATTTAA	2640
55							

EP 0 786 519 A2

	TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTGGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC	2760
	TGAAAAGTCA CCGGTAATAC CATAAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA	2820
5	CTTAATCATT TCCCactGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA	2880
	ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT	2940
10	TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTGTTC TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT	3000
	ATTTAGCTGT TGTTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC	3060
	TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA	3120
15	CGTTTTTAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCATCGTA	3180
	TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC	3240
	AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT	3300
20	GACACCAaTa TCaTATGtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA	3360
	AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT	3420
	TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTTATCCA TTGTTCTaAC	3480
25	AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT	3540
	TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC	3600
30	TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT	3660
	ATAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC	3720
	TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG	3780
35	ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T	3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

	GCGACACCAT TGTTTGACG AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT	60
50	GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC	120
	ATTTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA	180
55	CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG	240

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTC ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA 540
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720
 TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780
 15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGCGTTTGA 840
 TATTGCGTYT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900
 20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AAACATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG 960
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020
 GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080
 25 TGAGCATTCG CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTGAGTA 1200
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTGCTC 1260
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCACTGACT GCTGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320
 GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380
 35 TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGtTTATA TACCTGTGCG TA 1422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60
 AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAACTG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACACT	720
15	CAAATTTAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATACT GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACCTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTCGAATTC CATGTCCTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTTACG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTGCGAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGLAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCGGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTT TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTGCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

EP 0 786 519 A2

TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT 2160
 TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCCA 2220
 5 TTTACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA 2280
 TTAACCTCTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG 2340
 10 AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG 2400
 CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG 2460
 TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACCGCCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC 2520
 15 CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCTT 2580
 CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT 2640
 ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG 2700
 20 CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC 2760
 CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG 2820
 CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC 2880
 25 AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAACTTT 2940
 TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTACTAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT 3000
 TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA 3060
 30 AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC 3120
 CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTCGA 3180
 35 TAACTTTTTC AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACATAATG 3240
 GTAACTTTTC AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTCTCTGC TTCTTCAAGT GTTGATTCA 3300
 CTGGAGCTGT AATTAAATt TCTTGCCTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT 3360
 40 CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTAAAAA TACCTACTAA GTTGCATCT TCTTTATTAT 3420
 CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC 3480
 TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT 3540
 45 TTTGAACTTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC 3600
 CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA 3660
 TAACTGGAAT ATTTAATTTA ACTTGTCTG ATAATGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTTCG 3720
 50 GTAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG 3780
 CAAATTTACT TTCCACATT AAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT 3840

55

EP 0 786 519 A2

	GCAGAGATTG CGCCTAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AACACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGCGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTIONTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
30	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTTCGTT	4860
	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCTCG TTACTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGG GTAAACTTCA AACTTGTAAC AACAAATGATT	5040
	GGAACCTAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATTC TTCTCCCACC AATGTCACCT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATTG GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTCGCA AATAAACATG	5460
50	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTGTA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAACTAA 5760
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940
 10 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000
 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAAT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060
 ATCTTTTAAT AGTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6136 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120
 30 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180
 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GcAATTTCTT TACTGTGGCT 300
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAACA AAGCTAAAGC 660
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATT CATTTCATT 900
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

EP 0 786 519 A2

	ACCTTGCATG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGTC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAACCTA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACTTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
30	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTGATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC AATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCTT	2280
40	ACTAAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA CTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTC GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGAAAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760
55		

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACTGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCtGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TGCGTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAAATGTTAC TGTTTGATT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
30	TAGATCGGCC TATCATTAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAAGTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GCGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTATG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACTTTTTC TAATATTTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTGGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTCCTT GATTTAGCTT	4440
50	CTGAACTAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

55

	TGCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG	4680
	AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG	4740
5	aGGTAAAaTG GctATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGAtt GTGtATGAAT ATTTTCACCa	4800
	TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA	4860
10	GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCT TGCCATCTGG TATTTCAACA	4920
	TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA	4980
	CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT	5040
15	TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa	5100
	TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTTAA TTGGATAGCT CGATTGTGCA	5160
	TGTCTTGTAT ATTACTTTTA TAAAATAAAA AACGCCcACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA	5220
20	AAACTTGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG	5280
	CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT	5340
	CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACCTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA	5400
25	AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAAATGGTT AAACCTCTTC	5460
	CAATTtGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG	5520
30	CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTCCT ATATAAAGTG	5580
	ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA	5640
	TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTc GTTGCAATTC	5700
35	TCGCCAAAAT TGTGTACCT GCTGTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTcCTA	5760
	GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC	5820
	ATGAtTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA	5880
40	TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT	5940
	TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC	6000
	CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATAATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG	6060
45	AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT	6120
	ATATTTATTA GACTAT	6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2576 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAS	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTIA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTT	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGCCTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTAaAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GcTcaACGAT	GTAAATAAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAACCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTATAGTA	GGCGGTATAC	1500
50	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAACTA GATAATAGTG 1860
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040
 CtAtKGT TTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGT TTTCAAT ACCAACACCT GTTGCAGTAA 2280
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400
 CAATTAACAT TCGTTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460
 25 TAGGTTTATT TGTCCTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520
 AAGTTGTTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGCTCT GGTCGAAACG 60
 TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTC 300
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTCA CGTACAGTTG TAGAAGATT 360
 50 AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTCATAATC 420
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTTAA 240
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300
 CGAAAATTTT TCTTAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

EP 0 786 519 A2

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GCGACACGT AACACTTTAG ATATTTCAGC AGTACCAATT TTAACAACAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAARsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAAATAA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTG TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAACGAT TGTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAATATAA TAGATTCA CAATTTGTTGC TGAAATGTGA ACATTTTTCA	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTCCAA AAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAACTAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTGCGGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTCG AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACG TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTGTCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

EP 0 786 519 A2

	CCACAAC TTT CTAGTGT TAT TCAACC ATTA TATGAT ATCG GTGCAG TAGG GATGCG CTTA	3120
	TTAACAAA AT ATATGA ACGA TGAAAAG ATA GAAGAACCAA ATGTAG TTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATT CATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
10	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTTT	3360
	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA ACACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
30	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
	TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATT CTTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTGGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTAAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTtAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTtAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAAGCATT	5400
	TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTtAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTAATAATAA	5760
30	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG CAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTtGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT	6420
50	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
	TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
55	GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

	TGATGTAATT	ATGACAGCTG	GTGAACGAGT	TGGACCATTT	GAGGTTGAGT	CTAAATTGGT	6720
	TGAACACGAA	GCAGTTGCCG	AAGCAGGAAT	TATTGGTAAA	CCTGATCCGG	TTCGCGGTGA	6780
5	AATAATTAAG	GCGTTTGTG	CACTGAGAAA	AGGATATGAA	CCAACAGACG	AATTAAAAAG	6840
	AGAAATTCGT	ATATTTGTTA	AAGAAGGTTT	GTCGGCACAT	GCAGCACCAC	GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT	AAATTACCTA	AAACACGGTC	AGGTAAAATT	ATGAGACGTG	TATTAAAAGC	6960
	TTGGGAATTA	AATTTAGATG	CTGGGGATTT	AAGTACAATG	GAATAATGAC	ATGAATGTTA	7020
	TTGAAGATTT	TTTTCGAAGA	ATAAAGGGTG	ACAACATATT	TCATGTCAAT	GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT	TACGATAAGC	AATATAAAGA	ACTGTTAACT	TGTGTCATAT	CATTTCTAG	7140
	AAAGCATTTG	AAAATGATGA	CATAACAATA	ATGGCATATC	TTTATATTGC	TTTTTATTTT	7200
	TAATATGATC	TTTGGAAGAT	GATTATTTTA	AATAATAGAA	AAATATAGTT	ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA	AAAGTTGTAT	AATACAAAAC	TTTAATAAGT	GAATTTATTG	CAAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC	CGATTTAGTC	GACAAGTTTT	TAACAGTTTCG	TTATTATATG	AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT	AGCTACAAC	TACATATTAT	AAATGCATAA	ATTAACAAA	AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC	TCATTTATCA	GATTTAGATA	TTGCGAATCA	ATCAACACTA	CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC	TGCATCAGTA	GGTATTTTCT	AGGATGCATT	AGAACCTTAT	GGTCATTACA	7560
	AAGCTAAAAT	CGACATTAAT	AAAATTACGC	CAAGAGAAAA	CAAAGGGAAA	GTTGTTTTAG	7620
30	TAAGTGCAT	GAGCCCAACA	CCAGCTGGTG	AAGGTAAATC	AACGGTTACA	GTTGGTTTTAG	7680
	CTGATGCATT	CCATGAGTTA	AATAAAAAAC	TTATGGTTGC	ATTAAGAGAG	CCTGCTTTAG	7740
35	GACCAACATT	TGGTATCAAA	GGTGGTGCGA	CTGGTGGTGG	TTATGCGCAA	GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT	CAACTTACAT	TTCAACGGAG	ATTTCCATGC	GATTACAAC	GCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC	GTTTATCGAT	AATCATATTC	ACCAAGGTAA	CGAATTAGGA	ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA	GTGGAAACGT	GTATTAGATA	TGAATGATCG	TGCACTTAGA	CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG	TGGACCTACA	AATGGTGTAC	CACGTGAAGA	TGGCTTTAAT	ATTACAGTAG	8040
	CGTCTGAAAT	TATGGCGATT	TTATGTTTAA	GTAGAAGTAT	TAAAGACTTA	AAAGATAAAA	8100
45	TTAGTCGTAT	TACTATTGGT	TACACTAGAG	ATCGCAAGCC	AGTTACAGTT	GCAGATTTAA	8160
	AAGTGAAGG	TGCACTTGCA	ATGATTTTAA	AAGATGCAAT	AAAACCAAAC	TTAGTACAAT	8220
	CAATTGAAGG	GACACCTGCA	TTAGTTCATG	GTGGACCATT	TGCGAATATC	GCACACGGTT	8280
50	GTAAGTCAAT	TTAGCAACT	GAAACAGCAC	GTGATTTAGC	TGATATCGTT	GTAACGGAAG	8340
	CTGGATTTGG	TTCAGACTTA	GGCGCTGAAA	AATTCATGGA	CATTAAAGCG	CGTGAAGCAG	8400

55

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGCCTTGACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GCGCGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCAAT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGAATATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTTCAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
30	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTAFTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACTC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
50	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

EP 0 786 519 A2

AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG 10320
 CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG 10380
 5 AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG 10440
 ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA 10500
 10 TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG 10560
 TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA 10620
 CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT 10680
 15 TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCTG TTTCCCAGTA TCTAATGGTA 10740
 CGAGAGAAGT TAAATTTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG 10800
 ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG 10860
 20 AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA 10920
 GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT 10980
 ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA 11040
 25 CGGAATTTGA AAATGTTACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT 11100
 TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC 11160
 CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA 11220
 30 GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA 11280
 AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCCA 11340
 TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA 11400
 35 ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA 11460
 ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA 11520
 40 CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG 11580
 TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT 11640
 CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA 11700
 45 TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT 11760
 CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC 11820
 ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA 11880
 50 ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA 11940
 TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG 12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1316 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60
 CACGCACTTG ACTTAACCTT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCTG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAAGTTA 360
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540
 TTTCAATTTG TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCAATTT 600
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720
 GTAATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTAATGTT GAAATGATAA 780
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAAACTGAAA ATAATACATA 1260

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
TCTTACTCAT TCAGATTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GSTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAATCA TTAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTTCGG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
TTGTAATAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTTCTGTA GCTAATGCGC	960
TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
GACGTTTACA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTLAGAG	1140
GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTACTGTATC CCAGGACCGT	1260
TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAACAATG AAACCTACAG	1380

EP 0 786 519 A2

ATTAAATGA TGAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC 1500
 AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA 1560
 5 ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA 1620
 GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA 1680
 10 GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG 1740
 CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TCGGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA 1800
 TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC 1860
 15 aAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT 1920
 GACTGGTACA GCACAACCTAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT 1980
 TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTATACGG TGAAAAGATA TGTGCGATCA TTGATTACTG 2040
 20 CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGCAC GTATGCAAGA 2100
 AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA 2160
 CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAACT ACTGGTGGTG TATCTGCAAG 2220
 25 TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG 2280
 TCGTCGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTCC AACTGCAGA 2340
 ATTTTATTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TCGGTCAAAC 2400
 30 ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA 2460
 CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAATTTGAA TCTTTAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT 2520
 35 GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTCAT TCGAACGAGA AACTAAAAAA 2580
 ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT 2640
 ACGAACCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTGCTTTA TGGAACCTACA TGGTGATCGT 2700
 40 AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT 2760
 ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT 2820
 ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC 2880
 45 AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA 2940
 GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA 3000
 CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT 3060
 50 GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA 3120
 GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT 3180

55

EP 0 786 519 A2

	GGTGCACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTACAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
10	TAAC TAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
	AATTCAATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAATAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGATTTTGA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAACTAAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGcAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAAC TTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980

55

	TAAAGATATT	GACCATGCTA	AAAAAGAAGT	TAAATGTGAT	ATTTTAAACT	CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA	AAAGGTGTTA	ACTTACCTGG	CGTAAGAGTA	AGTTTACCTG	GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT	GAAGATATCC	GTTTCGGTAT	TAAAGAAAAT	GTTGACTTCA	TGCGAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT	CGTCCTAGTG	ATGTTTTAGA	AATTCGTGAA	ATTTTAGAAG	AACAAAAAGC	5280
	TAACATTTCA	GTATTCCCTA	AAATTGAAAA	CCAAGAAGGT	ATTGATAATA	TGCGGAAAT	5340
10	TCTTGAAGTG	TCTGATGGTT	TAATGGTTGC	ACGTGGTGAC	ATGGGTGTTG	AAATTCCACC	5400
	TGAAAAAGTA	CCAATGGTTC	AAAAAGATTT	AATCAGACAA	TGTAACAAAT	TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA	GCTACACAAA	TGTTAGATTG	TATGCAACGT	AACCCACGTG	CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT	GACGTTGCCA	ACGCAATCTA	TGATGGTACA	GATGCAGTAA	TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT	GCTGGTTTAT	ATCCTGAAGA	AGCTGTTAAA	ACAATGAGAA	ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA	GCAGCCCAAG	ATTACAAAAA	GTTATTGTCA	GATCGTACTA	AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA	GTGAATGCTA	TCGGTATTTT	GGTTGCACAT	ACAGCTTTAA	ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT	GTAGCTGCTA	CTGAAAGTGG	TTCAACGGCA	CGTACTATCT	CCAAATATCG	5820
25	TCCACATTCA	GACATTATTG	CGGTGACTCC	AAGTGAAGAA	ACTGCACGTC	AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA	GTTCAACCTG	TAGTTAAAAA	AGGACGTAAG	AGTACAGATG	CATTGTTAAA	5940
	CAATGCAGTT	GCAACAGCTG	TTGAAACTGG	TAGAGTATCT	AATGGTGATT	TAATCATTAT	6000
30	TACTGCTGGT	GTACCAACTG	GTGAAACTGG	AACTACTAAT	ATGATGAAAA	TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA	ATTGCTAATG	GTCAAGGTAT	TGGACGTGGA	TCAGTTGTTG	GTACTACGTT	6120
35	AGTTGCTGAA	ACTGTTAAAG	ATTTAGAAGG	TAAAGATTTA	TCTGACAAAG	TTATCGTTAC	6180
	TAACTCAATC	GATGAAACGT	TTGTACCTTA	TGTAGAAAAA	GCTTTAGGCT	TAATTACAGA	6240
	AGAAAATGGT	ATTACATCAC	CAAGTGCAAT	TGTTGGTTTA	GAAAAAGGTA	TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA	GAAAAAGCTG	TTAAAAACAT	AAGCAATAAC	ATGTTAGTTA	CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT	AAAATCTTTG	AAGGATATGC	AAACGTACTA	TAATTTATAA	AAAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT	CAACAATGGA	AAGGCGTTTT	TTGGTTcATC	TGGTATTTTA	TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT	TTGATAATGA	TAGTGATGA	ATGGCAATCT	ATATAAATGT	TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA	CATTATCACC	TTCAAACCTT	CACTCATATT	ACTTTGGAAA	TTTATTATAA	6600
	AATAGAAGTA	TGGATGTATT	TCTGAAATGA	TACATTATTA	AATAGATGAG	AAAGTAAAAG	6660
50	TTTTGAGCCA	AGTACGCAAT	TTAATATTAT	AAGTTGCATA	TAAAACAGGA	TGGGACATAA	6720
	ATCCCTAAAA	AAACAGCAGT	AAGATAATTT	TCAATTAGAA	AATATCTTAC	TGCTGTTCTC	6780

55

5 tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA 6900
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGCAC ATAAATGTAA 6960
 AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA 7020
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACTACTACC 7080
 10 AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT 7140
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA 7200
 TCATCCAAAA ATGATGTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG 7260
 15 TCGTAGAATA GAATAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA 7320
 AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT 7380
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA 7440
 20 TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG 7500
 GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAA CATTATATCG 7560
 TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC 7620
 25 AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA 7680
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA 7740
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA 7800
 30 ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA 7860
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT 7920
 35 TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTC AA 7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

ATTTTTTAGT TAATGTCTT TCTTAAATA ATTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT 60
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA 120
 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA 180
 CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT 240

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATTGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTGA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG	720
15	CATAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTC ATTACTTCTA	780
	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACTG TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAt CTCGGTTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAAAA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
35	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAAAAGA TGtCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTCGTTGCT TAGTGTGTGA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAA TACCATACCT	2040

55

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCAGG TACACCAGCT 2340
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400
 10 CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520
 15 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580
 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940
 TCTTCATAGT TTAGTGTAAC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000
 TCATTTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480
 5 GGTATTACAA CGTATTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAhAAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360
 ATTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540
 40 AGACTAAACC TAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660
 TTATTAAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAT TCGGCTGTAA 780
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960
 CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

EP 0 786 519 A2

	TTGTTTGGCA	TATGAATGTC	TTTGTAATTA	TGGTTGTCTA	AGTAATGACG	ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA	CAAATGTGTC	GTAGTCATTC	CAATCTGGTG	TAATGGCAAA	GTTGTATTTA	1200
5	GGTGGAATTG	CTGATGCAGT	AGTCCACTCT	AGAGTACGAC	CAAGGCCATC	CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT	CACGTGGAGA	TTTGAAGTGA	CTGTATACGA	TACTAACAAC	AAGGAATAAG	1320
	AATCCGATTG	CCATTAATAA	TGCACCGATA	GTTGAAATTA	AGTTTAATAA	GAACCAACCA	1380
10	TCTGATGGCA	TATAAGTGTA	TAAACGACGT	GGCATACCAT	CTAATCCAAG	AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC	AAACGTTAAA	TCCGATCATG	AAGAACCAGA	AGCACCATTT	GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT	TGTAACCCAT	CATCTTTGGA	TACCAGAAGA	TTAAACCAGC	TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC	CAGTAACCAA	TGTATAGTGG	AAGTGAGCTA	CTAAGAAGTA	CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT	CAGCTGATGC	CATTGCTAAC	ATTACACCCG	TAACACCACC	TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA	ATGCTAATGA	GAATAGCATT	GGTGACTCAA	ATGTAATACG	TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA	ACCAGTTAAA	CAATTTCA	CCAGTTGGAA	TACCAATCAG	CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA	ATGAGTTGAT	TAACGCACCA	TTACCCATTG	TGAAGAAATG	GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC	TAAGGAACGC	GATACCGGCA	GTTGCCATA	CCATACTTTG	ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC	GAGCGAATGT	CGGGATAATT	TCTGAGTAA	TACCAAATGC	TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA	CTTCAGGGTG	CCCCCATA	CCAGAGAAGT	TAGCCCAAAG	CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG	CAACTGTGAA	GAATGCTGTG	TCAAATATTC	TATCAGTTGT	CATTAATGCT	2100
	AACGCTACTG	TTAAAGGAGG	GAAAGCAAGA	ATAACAATTA	ATGTAGTAAT	AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA	TTGGCATTG	CATAAACTTC	ATAGTTGGTG	TTTTACATCT	TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT	TGATACCTGT	AGCTAAGGTA	CCAAGCCCTG	AAATTTGTAT	AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA	CACCCGGACC	AGGACTGAAT	TCACCTGCTA	GTGGCGCATA	GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG	GTGAACCACC	AATAATAAAT	GACAGGTTGA	ATAAAATCAT	ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA	AACCTACGTT	GTTTAATACT	GGGAATGCAA	CATCACGTGC	TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA	CGATATTCCA	TAAACCAAAG	ATAAATGGCA	TTGCCATGAA	GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT	GTGTACTAAA	AATTCGTTA	TAGTGGTTAG	ATTCTAAAAA	TTTGTATCA	2580
	GGTACTGTTA	ATTGCGCACG	AATAAGTAAC	GCATCAATAC	CACCACGGAC	GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA	TTAAATACAT	AATACCGATT	TTCTTATGGT	CTACAGATGT	GAACCATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT	ATTTCCATAA	TTTAAAGTAA	GTAATTACTG	CGATTAAACC	AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC	CAATTTGTGC	CATTGTAATC	ATCAGTTAC	CTTAACTAG	TAATTGATCC	2820

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT	2940
	ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG	3000
5	TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT	3060
	CTTCACTAGT GAAGTTTGGG TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA	3120
	TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG	3180
10	CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT	3240
	TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA	3300
	ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG	3360
15	TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC	3420
	CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCAATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG	3480
	GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA	3540
20	AGAACCATTT GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG	3600
	GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA	3660
25	TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT	3720
	CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAT TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA	3780
	AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA	3840
30	CTGGCCCTTT TGC GTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC	3900
	CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT	3960
	GTAGGGCTTA ACATTAAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA	4020
35	AATTAATAAA ATTGATATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT	4080
	TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T	4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9310 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50	CGAGTGAGTA CAMACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT	60
	ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC	120

	TTGGATTACG	ATTAGTTGAA	AAGTCGGTTA	ATCAAGACAA	TCCTTCAATG	TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA	CGAAgTAGGT	ACAGCCGGAA	CAATTTTAAG	CTTTTTTGAA	ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA	GCAGCCAGGT	ACTGAAACGA	TTTATCGATT	TTCATTATTA	GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT	TCATTATTTT	GAAAAACGTC	TTGAGAATAA	TGGTATTAAG	TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT	TGGACAAGAA	GGTGTGTGCT	TTAAAGATGA	AGACGACTTA	GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA	TGATAGTTTT	GAAGTACCAC	ATCAATGGCA	ACATAACGCT	TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC	ATATCAAATT	TTAGGAATAG	GGCCAGTCGA	ATTAAGAGTT	AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT	AGAATTTTTG	GAAATGTCT	TAGGTTATCG	CAAAAGAGAT	AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT	GACATTAGCA	CCACAAGGTT	TATATTGCGA	TTTTGTAGTT	ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG	TGAAAGACCT	GGACGAGGTT	ATATCCATCA	TATTGCAGTT	AATACACCAC	780
	AAATGAGTGA	CTTAGATGCA	ATTTACAAGA	AATTACAACA	ACAACCACAA	AGTAATTCAG	840
20	GTATAATTGA	TCGCTATTTT	TTTAAATCAT	TATACTATCG	CCATAATTCA	ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC	TGAAGCGCCT	GGATTTACTA	TTGATACACC	TGTTGAACAA	TTAGGAAGTC	960
	AATTGAACTT	GCCTGACTTT	TTAGAAGCAG	AACGTGAACA	AATTGAAAGT	AAGTTACACG	1020
25	AAATATAAAG	GAGAATGTTT	AATGGCCAAA	TTAGAAATGA	ATAAAAATAC	GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT	ATTCCTTAGG	TGATCATTTA	TTGAATCCAT	TGAAAGGTGA	AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC	GTATTAATGA	AATTATTGAA	GCAAGTAAAT	TAGCAGATGA	AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG	CAGTTGGTGA	AAGTCATCAG	GAGCATTTTA	CAACACAGGC	ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG	CAATTGCCCA	AGCGACAAAG	CATATTAAAG	TTTCAAGTTC	TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAC	AGATCCTGTA	AGAGTATTTG	AAGACTTCGC	GACATTAGAT	TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC	CGAAATTGTA	GCTGGCAGAG	CATCAAGAAC	AGGTATTTTT	GACTTGTTTG	1440
	GCTATGATTT	AAAAGACTAT	GATGAATTGT	TTGAAGAAAA	ATTAGGTTTA	CTTTTAGAGT	1500
40	TAAATAAAAC	TGAGCGTATT	ACTTGGTCTG	GAAAATATCG	TCCAGAACTT	AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC	AAGACCAATC	GATAATATAT	TGCCAATATG	GCGTGCTGTT	GGTGGTCCAC	1620
	CTGCAAGTGC	TATTAAAGCG	GGAAAACAAG	GTGTGCCAAT	GATGATTACA	ACCCTTGGTG	1680
45	GCCCAGCAAT	GAACTTTAAA	GGTTCTATAG	ATGCTTATCG	TCAAGCGGCA	ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc	TTGCGCTAAG	TCTTTACCAG	TAAGTACAGC	GAGTCTGTTT	TATACAGCTG	1800
50	AAACAACTCA	GGATGCTATG	AGAGAATTTT	ATCCACATTT	GAATACAGGG	ATGTCATTTA	1860
	TTGCTGGTGT	TGGTTATCCG	AAACAGCAAT	TTGCTAATTC	GTCAGATTAT	CGAGAAGCGC	1920

55

EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTAAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATTT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTG TAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCAATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT	TTCGGTTAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAACTATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTTTAA	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TCACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCCTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTTGTACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55

EP 0 786 519 A2

ATTTTAAAT ATAAATTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA 3840
 GGAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC 3900
 5 AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT 3960
 AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG 4020
 AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA 4080
 10 CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA 4140
 TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAAATTTA 4200
 GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG 4260
 15 GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA 4320
 AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA 4380
 20 ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA 4440
 GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA 4500
 TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCGATT 4560
 25 AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA 4620
 CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA 4680
 TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG 4740
 30 CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA 4800
 ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA 4860
 CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT 4920
 35 AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA 4980
 ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG 5040
 AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA 5100
 40 ACAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTAAAA AGGTACAGAA 5160
 AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAGCGTT ATATCCAAAA 5220
 GTTCGTATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAGAAG CATTGGGAGA TTTAGATCCT 5280
 45 AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA 5340
 TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA 5400
 50 GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT 5460
 ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT 5520

55

EP 0 786 519 A2

	GTTGAAGGCG	CACAAAAAAT	TTATGACTTA	TTTAAACCTA	TTTTAGAGAA	AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG	ATGATATCCA	AATGAACTTC	GATAAAGTGA	ATCAATTATT	GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA	ACGGCGGTGA	TGAGTCATTT	GAAAAAGTAT	CGAAGAAAGA	CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG	CTGTTAATGC	ATTAGGAGAG	CCACTAAGTA	AAATGGCTGT	GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA	TGAACAAGTT	AACGATAGTA	CGCAATTTTC	AAGACGTACA	TTTTTGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT	TGGCGGTGCC	GGTGTGCAA	TTGGCGCAAG	TGGTGTGGT	AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC	AATGTTCAAT	ACACCAGAAG	ATCCGGAAAA	AGATGCGTAT	GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA	ACCAGGCATT	ACCACACCCA	CGCAAAAAAC	ATGCAATTTTC	GTTGCGTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC	AAAAGATAGA	GATGCAATTA	AGGCAATGTT	TAAAAAGTGG	ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT	GATGGATGGT	GATACAGTTG	GCAAGCCGAG	TAACAATCCT	TTAATGCCAC	6180
20	CAGTAGATAC	CGGTGAATCG	ATAGGATTAG	GTGCAAGCAA	GTTAACGATT	ACCTTTGGGA	6240
	TTAGTAAGTC	TTTGATGAAG	AAAATTGGGT	TATCTAGTAA	AATTCCCGAT	GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA	TTTTCCGAAT	GATCAGTTAA	TAGACGATTA	CAGCGATGGT	GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG	CTCAAATGAT	TCGCAAGTAT	CCTTTCATGC	GGTTCATAAT	TTAGTTCGTC	6420
	CATTTGAGA	TATTGTTAAG	GTACGTTGGG	CGCAATCTGG	TTTTATCTCT	GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC	TAGAAATTTA	ATGGCATTTA	AAGATGGAAC	AATTAATCCT	AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA	AGATTATGTG	TTTATTGATG	ACGGATGGGC	GAAACATGGA	ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG	TATTCAAATA	CACATTGAAA	CGTGGGATCG	TACTGCGCTG	GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT	TGGTCGGAAA	CGACATAGTG	GTGCACCGTT	AACAGGTGGG	AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA	CTTAAAAGCG	AAAGATAGTC	ATGGCGAGTA	TATTATTGAT	AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT	AGCGAAAGAA	GCAAATACGT	CAATTTTACG	TAGAGCCTTT	AATTATGTGG	6840
	ATGGTACGGA	TGACCGCACA	GGTAACTTCG	AAACAGGCTT	ACTTTTTTATT	GCTTTTCAAA	6900
40	AAGCGACAAA	ACAATTTATC	GATATACAAA	ATAATTTAGG	TAGTAATGAT	AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC	ACATAGAGGT	TCTGCTTCAT	TTTTAGTATT	ACCAGGTGTT	AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG	TGAAACATTA	TTTGACTAAA	TTTGTAGCAA	TGCTAATAAC	TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT	TTGGGTTACT	GAAAAGTCAG	GCAGCAGAAC	AACAAAGTAT	TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA	TAACGGATGC	GAAATCTGCA	CTTCTAATA	ATTCGATATC	GAATGACAAAT	7200
50	AAGCAGAAAG	CAATTGAGCA	AGTGGTAAGT	GCAGTTAAGA	AATTATCGCT	TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA	ATGCTGTCAA	ATCAGATGTG	AGAAAGCTTG	AAGATGCAAA	AGCGAATGAT	7320

55

EP 0 786 519 A2

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTC GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTCA CA TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACCTGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAATAAAGA CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAAA TTAAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTGTA	8040
20	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
25	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTGTC ATTATTATTT AGATTTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACT GGTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCCT	8760
	GTTTTTTTTG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
	TGATTCGTAT AAGGTTAATG TGTTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
45	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTGTC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGTAAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

EP 0 786 519 A2

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240
 CTATATTTAT AAATAAATG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCCAC 9300
 5 AATTGATAAA 9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGAGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120
 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180
 AAGTATTTTA AAAAGTTTTG GTATAAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300
 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420
 CGATGATAAA GTTGACAGAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTCTG ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600
 GAGAGATTTT TAAAAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780
 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960
 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080
 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140
 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

EP 0 786 519 A2

	AACGTACAGA	GCTTGTTAAG	TGTTTAGATT	ATTTACGAGA	GAGCGACACA	TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA	TCGGTTAGGT	AGAACGACAA	AACTATTaAT	TGAATTaTCA	CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACCG	AATTGACTTA	CAAATTAGTA	ACATGAACAT	TTCAACGAAA	GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT	TTTTACGATG	ATGAGTGCAAT	TTTTCaGGAT	TAGAAGTTAA	TTTACTATGT	1500
	GAGTGTATAA	AATAGACTTA	GCAGCAACAA	GAGCGAGAGG	CCGAAAAAGC	GGGCGCCCCCT	1560
10	CTTTACCAGA	GAATAAAAAA	TGAGAAATTA	AATTTTATA	TGATGAACAA	ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT	AGCTAGTTAG	ACAAGGGTAT	GTCACCTAAC	TGTTTATCGA	GTTGATTAAG	1680
	AAATGAAAAA	ACTTATACTA	TGAATTACTG	TTTAAAAGTG	TGCATGTTAT	AATATTTATT	1740
15	GAGCAAGTTG	GATAGATGGT	GGCTAATCTC	TTAATAAAGG	GGTGATGCCT	ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC	TAGnAAAGGA	CTAGCATGTC	TGATTTTGAA	ATGCTTATGG	TTGTATTAAAC	1860
20	AATCATTGGT	TTAGTATTGA	TTAGTACTCA	AGACCATAAA	AAATaCCCTT	CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT	TTTTGAAGGC	TATTTTAA	TAAATATAA	GGTCACCGTC	TTTTTAACGG	1980
	GCTCATTAGG	GTAACATGTT	TCCGAGTGTT	GCCCTTTTGG	TGTTTCAAGA	GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT	GCTTCTACTT	GCTACAAATA	TATTTTAA	CATTTTCTT	ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA	TAATCAGAAT	TAATAAAACC	AACTTTCCAT	ACAGCAGAAA	ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA	TGTAATCACG	AATTATATAA	AAAGTATTGG	AGACCTCTTC	ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA	GTTATTTTAG	AAAGAAGCCC	CTaCAACTA	AAGTTGAAAA	ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT	TACGCATCAA	CTGCATaAGg	CCCCTAAmAA	CTAAAGTTGT	AAGGGGcyCT	2340
	AAAATTTATT	TTGGTTGATT	GTCTTCTGGT	TTATCTGAAG	TCATTGTTTT	TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG	AATCTTGTGC	TTTTTCTGTT	TTTGTTTCAA	CAGATGTTGT	CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT	TTGTATTTTT	TGGTTCAGTG	ACAACTTTTT	TATTCTTGTC	AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT	TAGTAATTTT	TTGACCACGT	TTTAAGTAAT	ATTGAACGAT	ACCCATTAAA	2580
	ATGATTGCAT	GAATAACAAC	GAATAAAATA	ATTGTCATTA	CTGTATAAAC	TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA	CACTTTGAGA	GAGTGATTGC	GTATTAAATG	AAATCAAGTA	ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA	AAATAATAAT	TAAGTTTAAT	AATAGTATTC	CAATGAAAAA	TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC	CATTTTTCAT	TGCTTTAAAT	CCATTAGCTA	AGTGTGTTTT	TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT	CaACGAAACT	AGTCaTAAAG	TTGAAAATAG	GTATTAACAA	TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT	TAATCAATAA	AACAACAATG	ATTATGATGC	TTTGAGTTGT	AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT	GTGTACTATC	TGCATATGAT	GATTGTACTG	AATTCATAAT	CATTTCTGAT	3000

55

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTT AAATGCTGAT 3420
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 695 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60
 AACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGAACG 300
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTGTGTTGA TGCCTGAAAT 420
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGTACAGT 480
 TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540
 40 CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTTT 600
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTTAACTT CCTCTTCTGT TTyCTTACGT CCAGGTAATG 660
 45 GAATATCAAA TTyCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 875 base pairs
 50 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

	AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCLAA TGCAAATAAT	60
5	AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC	120
	GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTCAG AAATATATTA TGAATTGCTA	180
	AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG	240
10	AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT	300
	GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG	360
15	TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG	420
	TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA	480
	GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT	540
20	TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA	600
	TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT	660
	TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC	720
25	TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTG ATGTTGAAGT	780
	ACAAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT	840
	AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA	875

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5897 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

40	TCTTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT	60
	AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTCAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC	120
45	ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA	180
	TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT	240
	AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT	300
50	GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT	360
	ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT	420

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
10	CTTTTTCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
	AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
15	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTCAATAC	960
	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGA CTGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
35	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT	1620
	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAgTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAA CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAAC	2220

55

EP 0 786 519 A2

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTTC ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA TAAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAAGAA GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
15	AATTTGACTA TCGGACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
20	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
40	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGRAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGCTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATTA TTTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
10	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG ATTTAAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCAAT TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTTACG TTAGGTTATC	5160
	CTTTAGTTCG AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACCTT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
35	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAAATA AAACAACATAT	5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7965 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACCTGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCaAT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGWCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCACGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACCTG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTGGCCG CTCTTTTTTC ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCATTTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTCCACC TACGCTATTG	1620
10	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
	TGGGTCATGC TATACATTTT TGTTCCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAACAT	1800
15	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAATA CCAGAAACTT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTTAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCTG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAACTCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACCTTTT CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
35	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATwCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
40	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAAcGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

EP 0 786 519 A2

	CCAAACTTTA TTTTATATTA ATATTTAATT AATGAGGATC TACCATATCT TCTGGTTTAA	3240
5	TCCATGCTTC AAATGTTTCT TCTGTAACAT ATCCAGTTTG AATTGCAGAT TCTTTTAAAG	3300
	TTAAACCTTC TTTATGGGCT TTCCTAGCAA TTTGAGCTGC TTTTTCATAA CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC AGTAACTAAC ATTAATGATT GATTTAAATA ATTATCAATA TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT GCCCACTGCA CAATTGTTAT TAAATGTTTC CATACCATCA GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG TAGTGTATTA TGCATAATAA CTGGTTTATA AACATTCAAT TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAACT TGCGAACCAA CAACTGTATC ATTACCCATT ACTTGGACTG CnACCATTTGT	3600
15	TAACATTTCA CATTGTGTAG GATTAACTTT ACCAGGCATA ATTGATGAAC CTGGTTTCATT	3660
	TTCAGGGATA GAAATTTCTG CCAAACCAGC TCGTGGCCCT GAAGCCAACC ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT TTCATTAAGT CTCCTGCTAA TGCCTTCAAT GTTCCATGCA ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC GCTGTAAGTG CGTGGAATTT ATTTTCAGAA GATACAAATG GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA ATATAATGTG CCACTTTATC ACCAAATTCA GGATGCGCAT TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC GTACCACCGA TGGCAAGATT TAAAATGTGC TTCTTAGATT CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA CGGTCAAGCA TATAACGCCA GCCACTAATC TCTTGTCTTA GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT TGTAATGTG TACGACCAAT TTTAATAATT GAATCAAATT TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA GTATTTCTTA AAAGTTTTAA TGCAGGTTCT AATTTTGTTT CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA ACGTGCATAG CAGTTGGGaa TGTATCaTTC GaACTTTGAG ATTyATTtAC	4200
	ATCATCATTk GGGTGGATAC TTTCATCACT TTGATGATCT TTTAAATACA TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT ACTTCGTTCA CATTCAATTT ACTTTGTGTA CCGCTTCCTG TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG AAGTGTTTCAT CTAATTCACC TGATAAAATT TGATCACATG CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC TTTGCCTCGC TTAATTTTCC TAAATCAAAA TTAGCTATTG CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT GCAAAACCAT AAACACTTTC GATTGGCATA CGCTCTTTAC CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA CTCTTTTCTG TTTGAGCACC CCAATATTTA TCTGCAGGTA CTTCTATTTC	4560
	TCCAAAAGTA TCATGTTCAA TTCTTACTGA CATTCAATTT CTCCCCTTAT CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG TATATCATTa AATAATTTAA TTGAGCAATT TATGATTAAA ACGTTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT AAAAATACAC TAATCGCACG TGTTACCCTT TTATTACAGT GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT GTGTTATCTA TCATTATTTA GTTATTATTG AACTAAGTTT AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA GTAGCTTCAA CCGTAGCAAT AGCTGTAAGT ATATATAATA CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA TATGGATTTA GAGCAACAAG CGTaCCTAAA ACTCCTGTTA AACTCGCATA	4920

55

EP 0 786 519 A2

TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC 5040
 TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC 5100
 5 AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAACTGTTG CTATCAATAA 5160
 TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCTTCAATA 5220
 10 GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTCATTA AAAATATTAC 5280
 TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG 5340
 TGTTTTAATA TTTAAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG 5400
 15 TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT 5460
 CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT 5520
 CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAAACTCAGA AACTGGTGGA 5580
 20 AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT 5640
 AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAG 5700
 TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT 5760
 25 TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAAACTAGCA GAAAGTCAGC 5820
 TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT 5880
 AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA 5940
 30 TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT 6000
 TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC 6060
 ATACTGTTTT CTTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT 6120
 35 ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT 6180
 AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG 6240
 40 GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA 6300
 TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA 6360
 ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT 6420
 45 TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA 6480
 TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT 6540
 AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT 6600
 50 AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA 6660
 AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT 6720
 55

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTTAACATGC 6840
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080
 10 TGTGATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200
 CAAATTCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260
 15 GAGGTTTAAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTTACCACT 7320
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACCTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTTGACC AATGGCCCCA TAAGCAGTTG 7500
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACCTTTTT CAATTCCTGGA ATTGCATCCA 7560
 25 CTTCAATAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620
 AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGT TGAATCTTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG 7680
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740
 30 TACCTCTATT TTTCCGACAA ACTTGTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1302 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTTAAG AAACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

55

EP 0 786 519 A2

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300
 AAATTTAATT ATCAGTGC GA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTGA 420
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480
 CGTTCACGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900
 20 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAATAAAT CTGTAGAGGT 1020
 25 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260
 TAAAACGTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120
 TTACTAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAACT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240
 ACAAAGTACC ATCGTTCCT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420
 CTTTAACACT ATCTTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTTCT GCTTGCCAAG 600
 10 TAAAATCATG TGCTTGTACA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660
 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780
 15 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGATC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5030 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60
 35 AAATAACCGT ACTGTTCAAT ATGTTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTA AGCCATGTAA AAACGAGATT 360
 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA 420
 45 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTCAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTTGGCTT AACGTTTCGA 660
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720
 55

	CGTTTACCTT	TATCGATTTC	GATTTCTACT	GTTTCACCAT	TACGCATTCC	AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT	CAAGTAACGA	TAAGTTTCCG	TATTGATTTC	TAGTTTGAAT	ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG	GATATAGTAC	ATAACTAATA	ATATCTTGCT	CCGTAACAGG	ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA	GCAACTCAGG	GACTTTTTTCA	AAATCAACTG	GCTCTAGATA	TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA	GTGCTTCTTG	GCCTTTTAAA	ATAACCGCTT	GTAAATCTTT	ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT	GTCCTATTTT	ACCTTTGAAG	AACGACACTA	CTGATTCTGG	GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT	CTGTAATCAC	GGATTGTTCA	TCAAGATCAT	TTTGTACCAT	ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA	CTACTTTAGA	CGATGGTGTG	ACTTTTACGA	TATCACCAAA	TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT	ACATATCTTT	GACTTCATCA	AATCTTTCGC	CTAAACCTAA	ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA	AATTTCGAATA	CTGTCCACCA	GGCATTTTCAT	GTTGATAAAT	TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTTGA	TATCACTTTT	AAAGTCTGAA	TAATAAGTAC	GTACAGTTGA	CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGAAT	CCATACCTTC	AATATCAGTT	CTAAGGTGGC	GTGGGAAGCC	ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG	AATTGGCGCT	TGGCTGACTT	GTTAAACCAC	TCATTGAAGC	AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT	CGACACCAGC	ATCTATTGCT	TGTTTGTATG	TTAATAAACC	ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG	TGTGAAGATG	AATTGGTAAA	TCTACAGCTG	ATTTTAACTC	ACCAATCAAT	1680
	TCGTAAGCGG	CTTTAGGTTT	TAATAAGCCT	GCCATATCTT	TAATCGCTAA	AATATGGAAA	1740
30	CCTTCACGTT	CTAACTCTTT	AGCTAGTTTG	ACATAATACT	CTAAAGTATA	AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT	TTAAAATGTC	ACCTGTATAA	CAAATAGTAC	CTTCTGAGAT	TTTGCCCCTG	1860
35	TCTTGTACTG	CTTCATTGGC	AACTTTCATT	TGATCTACCC	AGTTTAATGA	ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT	CTATGCCTGC	TTTAGCACTT	TCTTGTACGA	ATTTATGAAT	AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT	TATAACCAAC	TGCGTTTGAA	GCACGTAACA	ACATTTGGAA	TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT	TACGTAGACG	TTCAAGTCGT	TCCCATGGGT	TTTCCTTCAA	GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA	ATGTAGCACC	GCCCCACATT	TCTAGTGAGA	AACCATCTTT	AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTTG	ATGCGATATT	AATCATATCC	TTAGTTCTAA	CTCGTGTAGC	TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT	CTCTAAAGGT	TGTATCTGTT	AGTAAGACAT	CATCCTGCTT	TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC	CTTTTGGAAC	TACTTCATCA	AGCAATTGTT	TCGTACCACT	AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG	AAGATACAGT	TGGAATTGAT	GCTAATTCAT	AGTCTGGTTT	CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG	GGAAACCATT	AATTGTTACA	TTACCTATAT	ATTCTAATGT	TTTAGTACCT	2460
	CTATCTAGAG	ACGGCTGAAT	GTCGAAAAGT	TCTGGTGTTT	CTTCAATAAA	TTTAGTTGTG	2520
55							

EP 0 786 519 A2

	TTAACACCAC	GAATACGCAT	TTCTCGTAAT	GAGCGTACCA	TTTTTCTTC	TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG	CGTGTGTAGA	TAATTTTACG	AGTAATGAAT	CATAATAAGG	TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA	AACCATCTCC	AGCATCAAGA	CGTACACCAA	AGCCCCCGCT	TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG	TTCCAGTATC	CGGCATGAAA	TCATTTAACG	GATCTTCTGT	TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG	CATAGCCTAA	TGTTGTAATA	TCTTTTGTGTT	GCGGCATATT	AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT	CGGCACCTGC	TGCAACTAAA	ATTGTGTCT	TAACAATATC	AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG	TAATTGTATG	CTCTACTTGT	ACACGAGGGT	TAACCTCTAT	AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG	ATACTAGAAA	TTCAACAGTA	CCTGCATTGA	CATATTTAAT	ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG	CAGCATCACA	AATACGTTGA	CGTAATGTTG	ATGATAATCC	AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA	CAACTTTTTG	ATGACGACGT	TGTACTGAAC	AATCACGTTT	AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT	CATGTTGTC	ACCTATGACT	TGTACTTCAA	TATGCTTTGG	ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA	TGTAAACTTC	ACTATTACCA	AATGATTTTT	CAGCTTCTGA	TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT	CTTCTAATTC	ACTTTCTTCA	CGAACGATTC	TCATACCTTT	ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG	CTTTAATCAT	TAGCGGGAAA	CCAGCTTCTT	CTGCAAATTC	TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT	TAATTGGACC	GTCTGTACCA	GGAATAACTG	GTAAATCTGC	CTTGATAGCC	3480
30	GTTGTACGAG	CTTTAACTTT	ATCTCCAAAC	ATATCTAAAT	GTTCTAAATG	AGGACCAATA	3540
	AATTTAATTC	CTTCTTCTGC	ACAACGACGC	GCAAATTGTT	CATTTTCACT	TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT	GAATCGCATC	CACATTGCGT	TGTTTTGCTA	CATCAATGAT	ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC	TTTCAGCAGG	ACCTAAATCA	CTTCCAATA	AATAGGATTC	ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA	ATGAACTTTT	GTCTTCATTC	GAATAAATTG	CAACTGTGCT	GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG	CTCTGAATAT	ACGAATTGCA	ATTCTCCAC	GGTTAGCAAC	AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT	TCAATAGCGA	TACACTCCTC	AACTATTAG	AATTTTCTAA	CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT	TATCTTAAAG	CGCTCTGTTT	TGCTATAGTt	mTGTTTCmAA	TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT	tGAGACAATT	AAAaCCyCCG	CTTcmGaaAT	AATAATTTCA	AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA	GGTAGTTCCA	CGTTTTTGTG	GTGAAACATT	TTCGATTTC	ACAACCTCTAA	4080
	AAAATTAAAA	ATAAAATTGC	AAAACATCAA	CATTATTAT	CAATAGCGAT	AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG	ATTCTAATTT	CGCCACCACA	TTTAGTAATT	TTTAGTCATA	AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC	GTTGTTTTGT	TTATAAAATT	TGATAATCak	GAGTAATCtC	GTAAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG	AAGTTAAGCG	TTGTTTGGTT	GcCTAACTTC	CGTTATTGAA	CTCATCcAGT	4320

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440
 TGTGTGTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTGTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740
 AAACCTAATT CTTGCAAAAT AATTGCAAAA ATAAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800
 CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860
 15 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTGCG ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1389 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCA 720

	ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG	840
	CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG	900
5	AATTAGCTGG AATAAACCCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG	960
	GCCAGTTGCT TATACAACTA TGGATGACAC TAAGTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT	1020
	TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT	1080
10	TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA	1140
	GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT	1200
15	TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA	1260
	GGTGCGTATA GTAACTTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG	1320
	GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT	1380
20	TTTTATTTA	1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

	TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT	60
35	AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACACAATT TGCTGGTTAT	120
	GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT	180
	TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG	240
40	ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT	300
	CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC	360
45	AAATTAAAGA TAAAdATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGraAAAGGG kTTTATTTTG	420
	aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA	480
	AAGAAAGTGC TAAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC	540
50	CTACTAAAGT TGAAGAAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT	600
	TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTcAGTA	660
55	TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC	720

EP 0 786 519 A2

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GCGGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACCTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTTGTGC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT TACAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTGGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTCAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTCAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640
 TTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CAAAATTGA 60
 20 AGTTTGAATT TAAAAGCAT CTTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAA GAAATTCATT 120
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300
 ATATTCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420
 30 ATTGGAAAAT GGAAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAAGTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600
 ATTGAAAGAA AAATTAAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780
 AGTTACATTA TGTCATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840
 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

ATCTGAnTnG AGATAGTGAT AATGTGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT 60
 CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TcTtTAGtCG cTTTATGcCC tTcTATTAAA CtCGGaACTa 120
 5 AAAATGaTga CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTtGATGG CCaTTAGACA 180
 CAATTTCCCC TGTTTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT 240
 TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG 300
 10 CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTtATTCA TATTGATAAG ACCATTGCGC AATCCAGATA 360
 ATAAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT 420
 15 TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTt CTCTCCCTAC TACTATGATT 480
 TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGtT GCGtCTGTa ATGTTATACA 540
 TACACTTATC CTTcATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTtA TGGAAAATGC 600
 20 AATTAAATTGT CTATTATTTT TGtACGGTAC ATTTAAAAATT AAGGATCAAT TTAAAAACGC 660
 CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTTAA CTTCGcCTGT 720
 TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTtA TCTTTTGCTT TtTCACTTGC 780
 25 TTTATAGTTA TTGTTGTAAA TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAAT 840
 GATATATTTC TTACCgAAAT CGTCTTtATG TTTTtCAATT AATGCTTCAC GAGATTcAGC 900
 30 TGtAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAAATAGCA TGACAAGTTT 960
 ATGATCCTTT TGAACCATTt GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG 1020
 TAAATATGA CTCTTCTTAG CTtGAGGGAT ACCTTGtTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTtGC 1080
 35 CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTTGTC 1140
 AGCATATTTc AAGAATTCTT TTGCGCCATA GACAGGTTtA GCTTTAGCAG cTTGTACCCA 1200
 TTCATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA 1260
 40 ATTATCTAAA ACTGTTTTcAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT 1320
 CTTTTTAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACTGTtA TAACCTTGTA AATATAATGC 1380
 TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTTGAT TACCAAGATT 1440
 45 CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT 1500
 GGCAAACGCT GTAGAATTtG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAAACCGCTA CCGATAATGA 1560
 50 TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTtAAA 1620
 ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTtATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTtAA 1680
 TATTATTCTT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTC ATATAAGCAT GATTtAATGG 1740
 55

EP 0 786 519 A2

	GTGACTAGGC	CTTCCTATCA	GACATATTCA	CTCATCCACG	TATCATTATG	TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT	ATTTACCTAT	TGGAACAACC	ATAAACTCAT	CCATAGTTTA	CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC	TCACTCATAC	AATTTCTCAT	AAAAATCACA	ACGCTCCAAC	GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA	CCTATTTTAA	TTCATAAAAA	CGACACTTTA	ATTGTCATTA	TCCAATAATA	2040
	GCAAGACGTT	ATTATTGCAA	TCTTTTTTAT	AAAATAATAG	AATCATAGTA	TGTCATTTA	2100
10	AAGATAAAGT	AAGAACGTTT	TTATTTTTTCA	GATTTTTTTAA	ATTATTATGA	ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA	AATTACATTG	AAAAACAAG	TTATTATTTT	GGGCCTCATG	TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTTTGG	AGCCGGAAAT	TTAATATTCC	CGCCCATGCT	TGGCCATACA	GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT	TGGTATGCTA	GGCTTTGCC	TTACAGGCAT	ATnACTCCCC	TTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT	TGCATTTTAT	GATGAAGGTG	TTGAAAGTGT	AGGCAATCGT	ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT	TATTTTTGCT	GTCGTGATTT	ACATGTCTAT	CGGAGCATT	TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC	AAATGTGCGG	TACGAAATTG	GTACAAGACA	CATTTTACCT	GTGCATAACC	2520
	AATGGACTTT	AATTATATTC	GCAGCAATCT	TTTTTGCCAT	CGTTTACTGG	ATTAGTTTAA	2580
25	ATCCATCGAA	AATCGTTGAT	AATTTAGGTA	AATTATTAAC	ACCGTTATTA	CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT	AAGTATTGCT	GTCATTTTCA	ACCCTGAATC	TGCACTAAGT	GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT	AACACATCCT	TTCATTTTCA	GAAGTTTGGA	AGGCTATTTT	ACAATGGATC	2760
	TTGTTGCTGC	GTTAGCTTTT	TCCGTAGTCA	TTGTCAATGG	CTATAAGTTT	AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT	GAAAATTTTA	AAATATGTCT	GCTTTTCAGG	TCTTATTGCA	GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT	TTACTTTGCA	CTTGCCATACG	TTGGGGCATC	AACAGCTCCA	GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC	AGATATATTG	ACGTACAAC	CATTACGATT	ATTTGGTTTCG	TCGGTAACC	3000
	TCGTATTTGG	AATGACGGTT	ATCCTTGCA	GCCTAACAAC	ATGTATAGGA	CTCGTcAATG	3060
40	tTGCGCCACA	TTACTAAGA	AACAGTACC	TAAGTTTCT	TATAAAATAT	TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC	ATAGGGTTCT	TATTTACAAC	ACTTGGTTTA	GAAATGATTT	TAAAAATTGC	3180
45	TGTCCCATTA	TTGACTTTAA	TATATCCCGT	GTCGATTGCA	CTTGTACTCA	TATCATTTGC	3240
	TAACATGTTT	AGCACATTCA	GATTCAGTTG	GGCCTATCGA	CTCGCAACTG	TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA	ATTTTACAAA	TACTAAATAG	TTTCAACTTA	TTACACGGTG	TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG	ATGTTACCTT	TAGCAGATAT	CGATTTAGCT	TGGCTTGTA	CATTCATGCT	3420
	CTTTGCTATT	ATCGGTTTCA	TAATCGATGT	ATTTATACGC	CGTCCGAAAC	AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG	CTCACTGCCT	AGTAATGATT	GACCCATCGT	TACTAgGCTT	TTt tATATGA	3540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2187 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTCCTTG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAA _n CCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440
 AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500
 5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560
 ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620
 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680
 10 GATGTTAAAG TTAAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740
 ATTGTTAAAG TTAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800
 15 CATGACATGG GCAAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860
 GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920
 TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTGCGC 1980
 20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTGCGC 2040
 TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTGCGC 2100
 CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTGCG 2160
 25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmcAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60
 40 GCTTAAGATA GAGTGTAAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120
 CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180
 45 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240
 GGAAATGAA AAAATTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300
 ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360
 50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTACTAACAT TAACAAAATC 420
 GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAA CACCTTTTTA TACAGGACGC 480
 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

55

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTGTGTGTG CAATTTTAT CAATTCATCG 960
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCCTCT 1080
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTTCAGG 1200
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTCTT TATTGTAAAA 1380
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGCACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GThAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TAAAAACAAA TGGGTCTTAA 60
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120
 55 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480
 10 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540
 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAACAAAA CTAAAGTTGC 720
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGC GTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTG ATTACATGAT TTAACGATG AAGCAGATAA 900
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960
 TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020
 25 GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140
 30 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200
 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTGCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTTCGCTTC 180
 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240

EP 0 786 519 A2

	CTTAATCTTC TGATTTGCTT TKTCTTTTCGC TTCCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC ATGCACTTGT CCGCKTsKTT TACAAGACGG	420
5	TCCAGkCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT CTTTTTCATC AGTACCAATC ATCGTCTTAG CTTATTAAT AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAAAT	600
10	AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA GGATAGTGGC TCGTTGCCAT TACTAGAGAA	720
15	CCAATTTTTC TAACATGATC TAAAATGCTC ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT AAATATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAT	840
	TCAACTATAT TCGTCATAG AGATGAAAAA GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTAAAT AACTTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTACAGTT	1020
	TTACCACCTG TATTGGTCC TGTAATAATT ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTTAAT AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT	1200
30	GCGATTAAAA AATCTAAGT ACCCATGACT TGTTCGTCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC	1260
	GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTTAAA ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC TAATTTGATT ATTCATTTCA ACAACTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC CCATTAAAAT CTTGTGATA TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA CGTTTCTTTC ATTCCTAACT GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC TTTTAACAAT ACGGTCCAAA TTTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT TTATTTGTTG AAAAAGATCA GTTAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC	1680
45	TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG	1740
	AATTGATTTT GTACTTGAAT TAATCTTTTT ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT CAGCGCGATG AATGAATGCT GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCACATAA	1980
55	GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTTT TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT	2040

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTTACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
5	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTC GTTTCCTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTGCTAC	2820
25	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCATAATA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960
 TAAAGTGTA GACCAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080
 TGAACCTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTATAGGA TATGGAATAA 4200
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500
 20 CCTAATTCCT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTAA 4560
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTACCTT GTTTTTAAAC 4620
 TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680
 25 TGACTGGATA GTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTGA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740
 AACAAACAAA TCTCTATAGA TGACTTAATG TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCATA TAACATTTTC ATAAACATTA 4860
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920
 GTTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTTG CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60
 ATGACAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAACT 120

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCTTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA TAGTTCAATG CTAATAAAAA AACAGCCCAA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTC TAGTTTCTGA AGTTTGTTCA GCAATGTCAT	540
	ATTTAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA TTCACTTAAA TTATCTTCGA TAGTTTTTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTGCTT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTTGTTAA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATTCCTCT TTTGTTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAA TCGTTGATCT TGTAATCTTT	960
25	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTTCT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTTGTAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTT AATTTTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATGTGCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTC TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTTAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAATGA AGTTGACATG CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA TTCATTTTTA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
55	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

EP 0 786 519 A2

	TTTTGCGATA	TTCATCTAAT	GTAGTAGCAC	CAATACATTG	TAATTCACCA	CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA	AATATTCGAA	GCATCGATAG	CACCTTCAGC	ACCACCAGCA	CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC	ATCAATAAAT	AGGATGACAT	TACCTGCTTG	TTGGATTTCT	TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG	CTCTTCAAAT	TCACCACGAT	ATTTAGTACC	TGCAACTACT	GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT	AACACGCTTA	TCTTTTAATG	TCTCTGGTAC	CTCATTATTC	ACTATGGCTT	2280
10	GCGCTAAACC	TTCAGCAATA	GCAGTTTAC	CAACACCTGG	CTCTCCAATA	AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT	ACGTCTACTT	AATACTTCAA	TTACACGTGT	AATTTCTTTA	TCACGTCCTA	2400
	TAACAGGATC	TAATGTACCG	TCTTTGGCAA	TGACTGTTAA	GTCACGAGCT	AAACTATCTA	2460
15	AAGTTGGAGT	ATTATTTGAC	TTACTAGCTT	GTGCATTTTT	ATTACTCATT	TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT	CACAACTTGT	GCACGTGCTT	TAGTAATATT	TAAATCTAGA	TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC	AACACCTTCA	TTTTCACGAA	TCAAGCCTAA	TAAAATATGT	TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG	ATGTAATTTT	CTAGCTTCAT	CCATCGATAA	TTCAATGACT	TTTTTAGCTC	2700
	TAGGTGTATA	ATGCAATGTA	CCAACATGAT	CTTGACCATG	TCCGATTAAT	TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC	TTTATCTTCA	GTGATATTAA	AACTTTCTAA	TACTTTTGCA	GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT	CATTAACCCC	AATAATAGGT	GTTCTGTTCC	TATATTTGAA	TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC	TTCTTGGGCA	TGTGCTAATA	CGCGCTGTGC	ACGCTCAGTT	AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA	TAATGACCTC	CTACTTTATA	TGTTCTCTTA	GTATATCTGC	TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT	TGTCATCTTC	TTCATCTAAT	AAAAATGGTG	ACTGTATAGC	TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT	TAAAGTTTTG	TAATTCAATG	TAATTTAAAT	CTATACCAAG	TTTAACTCGC	3120
	TTAATCTATA	AGAAGCCTCT	TCCATAGTTA	TCATTCTACA	GTTTTGTAAA	ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC	ACGGTCTTGT	GTTTCTAATT	GATTATAAGT	GTCTAACTTT	TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC	ATGAATGATT	TGATTAACAA	CTTCTGTTAA	TGTTTCTATG	ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC	AAGTGTAAGT	TGGTTGGATA	CTTGATAAGT	ATGTCCATAA	ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA	AATACCTCTG	ATTGTATATC	CAAACGATT	AATGGTTTGA	GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT	CATAATAGAT	AGACCTGGCA	AATGTAGCAT	CACGCTTGCT	CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT	GGTAGGACAT	GTAGTTAAAT	AACCAAGTTG	TTCATCATAA	CTTATATCAA	3540
	GGCTTCGATC	TAATTCATCA	TCAATTGATG	AAGCTTGATT	ATATAAAGCC	TGTAATGTGG	3600
50	TGTCAGTTCC	CATAGCTTGA	ATACGAATAT	GGTCCTCTTC	ATTTATCATG	ACACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC	ATTCACTAAT	ACTGCGGCTG	CTGGTTGTTT	TATTAGTTCA	GGACTAATCA	3720

55

	CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCcATC ATTTTCAGTA	3840
	GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAcTACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC	3900
5	ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA	3960
	TGCGTCATCA TGTGTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT	4020
	GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTTCAT TCTTTTCTTC	4080
10	GATTTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCCTTC CAACGTGCTC	4140
	AAATTGTCCA CCTGAACTC TGCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGcATA	4200
15	ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC	4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

	CAAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT	60
	TTTATTTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTt CAGTAAAATA GGTCAAATTA	120
30	CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC	180
	TCTTGTTGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT	240
35	AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA	300
	ACATTTCTCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGaCCCAAG	360
	ATTCTTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTcACA	420
40	GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT	480
	TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAACT CAACACTACA	540
	AACCCACGAT CCTTATATT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT	600
45	ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA	660
	TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTCATAAGA	720
50	CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA	780
	AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA	840
55	TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC	900

EP 0 786 519 A2

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080
 5 GATCTAACAA TTTAAaATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGtKtATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200
 10 ATAACCCTTT TAAaATTAAA CTGACACACT CATACTTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120
 25 ACTTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTGTGTTA AAATCTTATC TTTTtGAAAA ATTTCGATTCC 240
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360
 CTTCACTTAr AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAaATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATtCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCtATT 480
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTtnAAAT TTTATAAATG TnTTTCAATT TCATCAGCAA 540
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CTTAAACCTT 720
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780
 45 CAATATTATC TTTTACAACT GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840
 TCAAGTTAAA TACTTGgATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020
 ATAAAGATAA TCCTGTtAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320
 ACCAGAACAC ACTATTCACT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1329 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAACT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTTGTT 120
 25 AATTAATGAC TCGCAACCT TAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300
 30 TATCTCTTTC GATTGTGATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420
 CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTGCAA 480
 35 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTTT CATTAATTTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAACA 1320
 ATTTTACG 1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAACATA AATAACATA ATCCTATAAT 480
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660
 40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAATTTCCA TGTTAATATA 720
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCATAT TGTAATTTTC 780
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840
 45 TTACATAGAT TTACAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCAAAAC 900
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960
 ATTTATCaTa GCMGaATTAC AAAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCMGCCG AGACTAAAAT 1020
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GtTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
15	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	cTTCCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTcAG	TGAAAaTGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTc	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAActGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGCTGT	TGAGAAAaCC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAActGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAC	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAaA	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
50	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940

55

EP 0 786 519 A2

	TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT	3060
	GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGC GCCAGGT	3120
5	GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA	3180
	AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG	3240
	TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA	3300
10	ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT	3360
	TCTACATCAG CATTTGCAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG	3420
15	G	3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

	(A) LENGTH: 3173 base pairs
20	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

	CCCTnGATAC CCAAAGTACC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT	60
	TTTCCAATAA ATAAACCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmca	120
30	TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA	180
	AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA	240
35	AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG	300
	CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA	360
	TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA	420
40	TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAAT ATCAAATAAT	480
	CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTTAA GTCATCGGAC	540
	ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA	600
45	TCAGTCACTC TTTCATTAAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT	660
	GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA	720
	ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT	780
60	TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT	840
	TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA	900

	ATTTTGTCAA	ACTCACAAAT	CGTTTCAGCA	CCACTAATAT	GAACATCTTG	ATTGCTAGAA	1020
	CGCATTTTTA	TACTATACAT	GACGATCACC	TcAATCTTCT	TGaTGCAAAA	TTTCAAACAA	1080
5	CCTATCTATA	TCTTGTTCAG	TATGAAAATA	CGACAATGAT	ATTCTTAACA	TTGGCTTAGT	1140
	CACAGTtGGA	TACCTTAAAT	AACTTGTAAG	CACATGATGC	TTTAATAATG	TTTGATGAAT	1200
	GTTCTCAGCC	GCTTCTATGT	CATCAAATC	AATAAACTTA	ATCGGCGAGT	TTGaACTATT	1260
10	ATAATkaACA	TTGAGTGCTT	TTAACTTTTG	GTAAAAATAT	TTACTCAAAC	TATTTAATTT	1320
	AGTGCGTCTA	TCATCAGCAT	TTATTAACTT	TTCAATGTTT	CTTTTATATA	AATACAAATT	1380
15	ATAAATTGGC	AAACTACTTG	AGTAGATGAG	TGGTCTACCG	TGATTAATTA	aCATATCCtT	1440
	CaCATCaTTT	GaACTkaAAA	TcACACCCCC	GTATGCACCA	CATGCTTTAG	ATAAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA	TCTACACCTT	GATAATTGCA	GTAAtTCTCT	ATtCCAAAAC	TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC	AGTGTTGCGT	TAnATTtATG	CTTTAATGAG	ACTAATTGAC	CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA	TTCGTTGAAA	ATACACTATC	AGATATGATT	ATTTTtGGTA	TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTT	TCTAACCTTT	TTTCTAAAAT	AGCAATATCT	AAATGCTTAT	ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA	CTTAACTTAA	TACCGTCAAT	AATACTCGCA	TGATTTTCTT	GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA	TTTGTATTTT	TGAAAATATT	AAATAACGCC	AAATTAGCAT	CATAACCACT	1860
	ATTTAAGATA	GTACATGcAC	TATATCCGAG	CCAACCTGCT	AACATTGTTT	CAATTTCTTC	1920
30	ATAAGCTGTC	GAACTTCCAC	TAATTAATCT	TGAACTTGAT	AAGTGATAAC	TATACTTCCG	1980
	CATAAATCTT	TCGAAATCAT	CCTTATCAAA	CGCTATTtGA	CCTAATCCTA	AATAATCATT	2040
35	AGATGTATAG	TTCGTACATC	TCTTATTTTC	TACTTCAATA	TACTGTCTAT	CTATATACCC	2100
	TACCGATTtTA	AGCGACCGAT	ATAACCCCTT	CTGTTGTAAT	AAATCAATTT	GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATtCTT	GTTTTCCCTA	TTTTCACAAG	TGTCATAATC	AATTTCAAAG	CCTAAATCAT	2220
40	TAATCATATC	GTAGTCTAAT	TGGTTCGGTT	GCCCACCAGT	AATTAGATAA	TnCACCGACA	2280
	AATATTGAAT	TCGCCGCTTT	TAATGCTAAT	GGCTGTAAAG	AACGTAAGTT	GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA	TACGAATTTT	TTTCGTAGGA	TTGATTAAAT	GGAATAATGC	TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA	TTGGTGTTAA	ATCATCCATG	CTTCCAAACT	TTGTGCCTTT	GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA	TCGGAATACT	GTCGGCATCC	ATTTCTTTTA	AAGCAAATGC	CATATCAACA	2520
	ATATCTTGAT	TAGATTCTCC	CATACCACAA	ATCACGCCAG	AACATGGTGA	TATATTATTC	2580
50	GCTTTCATTA	GTTCTATCGT	ATCTGTTCTA	TCTTTATAAC	TATGCGTTGT	CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT	TTTCACTTGT	ATTAATATTG	TGGTTATATC	TGTCTACACC	AGCTGACTTA	2700

55

TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880
 5 CCATCGATAA TTTGTTCTCT TGAATTAAA GCATATCGCT GTTTTTGTTT AATATCTCGT 2940
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000
 10 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060
 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATCTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1694 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120
 30 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180
 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCcCAAT AAATATGAAT 240
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540
 TGTTGTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACt GGCTTTCTCT ATCACCaaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780
 50 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840
 TTTATACGAT TGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

ATTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080
 ATGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTITAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380
 CCAAATTTTA TTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT 1500
 15 AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT 1560
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAaCAACAG TAATACTCTG 1680
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1358 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35 AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTGTA CTTATTATCA 120
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180
 40 CAAACGTCAC GTAAATTGCG TAAGTTATCA ATGGATTGGA CATCTACTTC TGCATATTTA 240
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTCGCAGG ATCTAAATTG 480
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

55

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTGTCATCT 780
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960
 10 TGAAACTTAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020
 ATATTCAATT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080
 AATTTGAGAT GAaGCATATG CTTTTAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140
 15 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200
 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTGCAA TAATTTGACC 1260
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTTCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAG 1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60
 35 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120
 CACATATGAC ATTGAGAGGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGctGaACG 240
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCA TTACAGATAT 300
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG 360
 TATTTCATTA ATCTTTGTTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGtTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540
 GGCgaATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTT 600
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTT AGGTGTAAcA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAAAT TTCACCCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TGCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
10	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
15	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAACTGAG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
35	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTTGA TTTCCGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCCG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACTACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCGG CATTCATAAA	3000
	GAATTAALAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTTAAAGATA TTAATAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCCTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAACGTGTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAAA GTTTCAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACCTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTATTTCAT 4500
5 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120
TTACTTGCGC TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360
GaTTGGTTTTA AACGTAAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540
35 TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600
GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACAACGCCG 660
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720
40 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTACTTTCT GGTATGGGTG 900
45 GCGGAACTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960
TAACTGTTGG TGTGTAACT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140
ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

EP 0 786 519 A2

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
15	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGAACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	AAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
35	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTC ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480
 15 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540
 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTATTGATA AAGTATCAGC 3900
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTTGTCAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTA ACTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480

EP 0 786 519 A2

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAACTAAATT	720
	TATTGATTGG GGTGCTTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTGTTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGAATTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGCC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
35	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTTCG GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GGCGGTTGGA TTAACAAACT CGGTGTATTA GATTCGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGA1TGGCG GTATATTCGT	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCA1TT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280

55

ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC 2400
 TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA 2460
 5 TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT 2520
 AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTTATAC 2580
 TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTTAG 2640
 10 TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC 2700
 GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA 2760
 15 AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT 2820
 TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTGTTGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT 2880
 ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT 2940
 20 AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT 3000
 ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACGATATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT 3060
 GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG 3120
 25 AATCAATTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA 3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG 60
 40 ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG 120
 CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA 180
 ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT 240
 45 TATACATCTC GTTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA 300
 ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC 360
 GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC 420
 50 TAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTT 480
 ATTAATTAAT TGTAATAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTTAATATT AAAATTAAC 540

	ATCGTTTCAA TATTACTTAT AGGGATGGCT ATCAGTAATG TTTCGAAAGG GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT TCTATTTTCGC TACTAGTTGT TTAGTGTTAa CTTTAGTTGT AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT CAGCAAATGC ATCACAAACA GATAATGGCG TAAATAGAAG TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG TATATAGTGC AcTTnCAACT AAAAAATTAC ATAAAGAACC TCGGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA TTGATGGTGA TACGGTTAAa TTAATGTACA AAGGTCAACC AATGACATTC	900
	AGACTATTAT TGGTTGATAC ACCTGAAACA AAGCATCCTA AAAAAGGTGT AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG CAAGTGCATT TACGAAAAAA ATGGTAGAAA ATGCAAAGAA AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA AAGGTCAAAG AACTGATAAA TATGGACGTG GCTTAGCGTA TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA TGGTAAACGA AGCTTTAGTT CGTCAAGGCT TGGCTAAAGT TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA ACAATACACA TGAACAACTT TTAAGAAAAA GTGAAGCACA AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA ATATTTGGAG CGAAGACAAC GCTGATTCAG GTCAATAATG CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT GCTGCTAGTG GCACTTTTAT AATTTTTAGA TCACGATATG ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT TAAAAAAGTA AATAGTATCA AAAGTAAGTG TATTTAATAT TAGAAAAATA	1380
25	AAATTTTAAA TTTAGTATTA AAATGGAATG TTACTATATA GTTCAATGTG TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAAA TAATGCTTTA CTTCTATATT TAAAAGTGTA TAATGAAAGT TAAGTAATAA	1500
30	AGAGCGTGAA GAAAAATGTG AGTTATTTAT ATAGAATATT CTCCTTTTCA TTTATGAATT	1560
	TGTTACAAAA TATTTAGTGC AAAAGCACGA CGGAGGTATT CAATATGaAT AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT TAATGCAGAA AAAGGTTTTG GTTTCATCGa AAGAGAAGAT GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA CTTCTcAGCA ATCGCTGAAG ATGGATACAA ATCATTAGAA GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT CGACATCGTT GAAGGCGACC GTGGCGAGCA AGCTGCAAAC GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA ACTTATTCAA ACAGTCCTTA CTATAGGGCT GTTTTTTAT GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT GGTGTGGTAA AAGCACTAGC CGTTATTTTT TTGTCCAATA AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC AATATATAAT GGTTCTAAAA TAAATCGAAC TGATGGAAAA GTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT CCGACTTTTG ATTTTGAATA TAAAAAAGCG CCAATACAGA ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT TAAAGTCTGT ATATGGCGAT AACAAGAAGT AATGTTAAAC ACTCAAATG	2100
	TTTAACAATA ATAGGATACC ACATCGCATA ATATCTTACT ACTTAATTAA TAATTTAACT	2160
50	AATCAACTTT TTGTTAATTT TTTATTAAGA CTGATTAATT ATTGAGAATA TTTATTGTTT	2220
	TTAAATCTC ATAATAATTC AGTAATCTTG TTTTCATTTA AAAGGCGAAA CATTAAAAATA	2280
55	ATTAAATAAA AATATTGCGT TTAATTTACA GCGTCAAATA TACTTATTTT TAATGCTTTG	2340

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTG GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460
 TCCGCTTGTT GTATTAAAAA AGGTTTTGTA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580
 TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCACTTT TAGCATCGCC 2760
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT 2880
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAATTTT 2940
 GATGAACTG TGTTAATAAg CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC 3000
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTTGCC 3240
 ACTTGCATAA TTATATTTAA AAGATTCGAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300
 CTCATTTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480
 GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA 3540
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTCAAT TATAGCACA 3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180
 ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTG TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTAAATGT 480
 ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540
 15 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCTACCAGT 600
 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC 720
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCTT 900
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAAc ATgaCTTACG 960
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080
 30 TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCGATT 1140
 TGATTACTT TTTCTGTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200
 35 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260
 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380
 40 CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440
 TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAATT 1620
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1294 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCGGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAATCGTC ATAGAACCCTT TAGGTAATAA 480
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600
 GACTACAGTT GCAAACTACT GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660
 25 TAATTTTGGT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTCTATC 1080
 GCGAGCTTTT CAGCATTCGT TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnaACCaG 1140
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTTC AAAT 1294

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1935 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAACACG TTTTATTTT TTCATTGTTA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC AACTACTTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCaA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAACT	540
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAA TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCC TTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGAACGATT AGATTACTGG CTACTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTATTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCCTA AACAAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTAAACG 300
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATGTC CAATGTCTTT 840
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACTA 960
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTCATA 1080
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAATTCG 120
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCCTTA ATTGTTATTT 240
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1639 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTTTATCAG 780
10 CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840
TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAAATT ATTTAATGAA 1080
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAACAA AAAACCCATG ATTTGAAAT TCCCGTATGA 1200
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320
25 ATTGGCATT CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440
30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500
TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560
ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 1816 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180
55 AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTCATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAGATAT 240

TTCTyTATTT GTAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAAAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660
 CTACTTTTTTC AAAC TCAAAT TGTTCCTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTATATAT 840
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACCTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAGTTG 1020
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACCT 1080
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACCT 1140
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200
 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260
 30 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320
 ATATATATAA AATTTAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACCTTCA 1440
 TGGCTACAAG CATTATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTTGTTGGT GATTTT TAGT TTGATTATAT 1560
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680
 45 TTAAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAAAT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740
 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9956 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCGCGACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTT ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAAGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTa CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCTT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCAATTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTc ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAc CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAcCTA	1500
50	ATTcAGAACG TGTTcGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAACCTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

	TTTCAGCTTC GATTTACCTT TTCGTTCTTT TCATATCACT AACTCCAATA ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC ATCTTTGTAT CGTTATCACG ACATCAACTA TTACATTAAAG TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT TTAAGAAGCT AGAACATTGT AGATATGATG ATATATTAGT TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT CATCGTTAAA TCCAACTTTT AAAACGCCCT TCCTCATTAA CGCTCATTAA	1920
10	ACGCAGCCAA TGATTAGACA CCTTCCTAGC GAAATGCTCA TTATTGCGA GTAGTCTTGC	1980
	TACAACATAG TCGGGTGCCT GAATAACGAC AAGTAAACGA ATTGGCGAAT GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA GCCATAACAG ATTGCCATGA TAAGCCATAC ATCAGATCAC TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA CCAACACCTG ACGTGACGGT TTGTGTCGCT TTATTCCCAC TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA ACTGTCGACG CATAATATTG TAAATTAATC CATTGTGCCA CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG ATGGTATTTA ATAATGTGCC ATCTTTATCT TTACGCCAAT CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC CGCCCTTCTA AATCAATGCC TTTTGTTAAT TGGCGTCGTC CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT TTAGCCAATC CCCATTCTGG ACGTACCTCA CTCCAATCAC TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT TCCACTGGAT GATTCACACG ACCAATCGTT GGCAGTTTGT CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCGg TGtTCAGAAA TCATCGGCAT CGCGTCATT C AATGATTCAT ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA GATAATGTGT CTGGCACATA TACCCATGCC AACGTATCAG TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT ACCGCAAAAA CAGTTGTCTC TGGAATATAC ACACCTGATT GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA TTTGGACGAT TACATATCAT CGCTAATAAC TTAGCATTAA AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA CAAGCCCCAC ATTCAAGTGA TGCATGATGT GGATTATTGT GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT GCTAACACAA CGAACGGCGC AAATGCTTCG GTTAAATCCA TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC GCGAAATCAA TTTGCTCTTG CTCAGTAAAT CCAACAGGTA AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC TCACGATCAA TCGTCAACTT TGTTCAGGC TTTTCAACC ACTTTTGT	2940
40	TATTTTTTGT AAAGACGCGC GACTTTTTCT AGGCATAATC GAATTGACAA TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT GGCCCACTTA ATTCAGGCAA TAACAGACTA GGCATGACAT TATTTTTCAT	3060
45	CAATTTAAAT GTGTAAAACA TCGATGACAT TGTCTGTTGC TGTGTCGAT AAACATTCAT	3120
	ATCGTAGCGG TCTGCAAATT CTTTAATGCG ATATGCCGGC GGTACCATGA CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG AATTGTTTGT CTACGGCATC TTTTGAATA GGTAATCCAA AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC GTTTCAAAGG GCCCTGCTGC TTCGATATGT CTACGAAATG GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA CAAAATGCAA TTTGCGCTTT CGTTGATGTG CCCATCTGAT TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA TCAACTGCTT GTGTGTCATT TAACAATACT GAATGTGGCT GATTAGCGTT	3420

	TGCTTTAATT	TTTTGTTTTA	ACTGAGATTC	GTATGTCATT	TCCCAGGCAA	TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT	ACATTTTAT	TCATAGTTGC	TGCAAAATGA	ATAAACGTTT	GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT	TGTAGTAATA	CATCGCTAGG	CATATCACTG	TAGTAACACC	ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA	AACCAATTTT	CCGATCTACT	TTCACAATCT	TTAGCGACTG	ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT	AGCAATTGTT	CGACAATAA	CCGAATTGCC	AAATAATCCG	TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG	TGATGCTGTT	GTGAACGGTA	ATACAACATA	CCTGCCCAAC	CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT	CCTTCAACAT	AAGCTTGGA	GTCTTCTGA	TCTATTGAAA	AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT	ATCGTCATTT	CAGGATCATT	GGGTAAGCCT	TTAATCACTT	GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA	CTATGGTCAT	GTTGCGCTAA	ATGCAACCAT	GCATGGTAAA	AACCTTTGcTC	4020
	ACGCTTCGGC	ATTGTCCAAC	TCGATAGAAA	TTGATCGATA	TAAAGTTTCG	TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA	TTCACTTGTT	CGCTAAGTGG	CTCACCTTGT	TCATCTATTA	TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT	ACATCATAGT	GATGATATGA	TTCAGCCATA	TCACGTTTTG	ATTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA	GCAACAACAT	CAACATTTGA	ATGATTCATA	TATGATGCAG	GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA	ATGTTATCAA	TATAAAGATT	GATGTAGTGT	TGCGGGATAT	TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC	ATATCAGTAA	CAAGTTGATT	AAAGACACTT	TCATCTAATT	CACCACGTGC	4380
30	CACAGCGCTT	TCTATTAATG	CTTTATTTGG	GAAAATATCC	ACATCTCGAA	CATCACGTAA	4440
	CCATTTTGCG	ACATCTTCAA	ACGTATCCGC	TTCTAATCCT	TCCCATGGAT	TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA	ATTGGTGATA	ATGGTGTAAT	AACACGTTTC	GCATTTTCAA	TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAC	TGTGTTGTCA	TACCTTTTAC	CTCCTATAAA	TACTTCTTCA	AATAATTCCG	4620
	ATGACTTTCT	ATCGCTTTTC	AGCGTGCTTC	ACCTAGATTA	ACTAACCACA	CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC	TTAGAGTATC	GATGCCGCGC	CACCCAAATA	CTTAATAAAC	TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA	ACACTAATGA	TGACACTCAC	TGTAGGCGGC	GTTGTGCGAT	GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT	ACAGCGTAAA	AATAATTATG	TGTGATGACG	TAGATAAATG	TCACGATTGC	4860
	AATCAAAATC	ATACCAACAA	GACGTGCCAT	GCGTCCTTTA	CTAAAGGCTA	CCATTTGATT	4920
45	CCAAGATACA	AGTAATGACC	ATCCTAGAAT	GAGTGCACTT	AACACTTCAT	ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC	ATCCAAAATA	GAAATGCCAC	GATAATAGCT	AATACACGTC	CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA	GCGTCTTTAG	CAGATGCTTG	TTTTGGAATA	TTGAATCGCT	TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT	AAAAATAATG	TTGCTTTAAA	AATACCGTGC	AATATTAAAT	GAATAATCGC	5160
	TGCTGAATAT	ACACCCAATG	CACATTGAAC	TAACATAAAG	CCCATTTGAC	TCATCGTAGA	5220

55

EP 0 786 519 A2

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACAACG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT AAAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG ACACTGCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCAGTGT	6240
30	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTATTTCGT TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACATATGT ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
	ATAAGATTC ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
45	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATTC ACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTATG GTAACAATA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC ACTATGTTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
	CTATCATTA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

55

EP 0 786 519 A2

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACATC ACACCTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAACGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTACT 9000
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060
 TGTCAITTTA GTTTTATATG TTAGTGGTAT TGCAITTTATT CTAATCAGTG TTTTGGTTC 9120
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAG 9540
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAAATTA GCTTTAAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660
 25 TGTTCAAATTA ATACTTTTTT TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780
 30 AGATTAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATTG TTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGATTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGATGAG CAATATCATT 60
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CCGTGAACAA TACCTGGACG 120
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTGATAC ATTAAACCAT TAACATATGT 180
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300

55

	AACAACCTTTA	TCGTTTGCAA	CGACTAAACC	TGCTTTAATC	CAATCTTGTA	TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA	TTATTTAATT	CAGGCAGCAA	CTTATCTACA	CGCATACCTG	TTTGTTCCTT	480
5	ATCTGTAATG	TTAAATTCAT	AAGTCTCCAT	TACTTAACTT	CCTTCTCCTT	TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA	ATAAGGCAAT	AATAATTAAT	ATTACACCAA	TTGTTAAACT	TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA	TTGGAAAATC	ATAACCAAAA	ATATTTGTAT	CAATAAAGTC	AACAACCTCT	660
	CCTGTTAAAA	TTCTATCAAT	AAAGTTTCCA	AGTGCACCTG	CAAAAAGTAA	ACTAATAGCA	720
	ACTTGCATAA	ACAAATTATA	TTGAGCATCT	TTAATAAAGA	AATATACTAA	GGCTATTAAAT	780
15	ATAATAATGG	TAATAATAAA	GAAAAATGTC	ATTTTTCAC	TCAATATTCC	CCATGCAGCA	840
	CCATTATTTC	GATGTGATG	TATGTTTAAA	AAGTGCAGTA	TCACTTCAAA	TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG	TAGTAGCTAT	AATATATTTA	GTAACCTGGT	CAATATAAC	GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA	TGGAAGTGCC	AATAAAATAT	TTTTTGTGCA	TTTTCGTTCC	TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG	ACAACCTCTT	ATATTATAGC	TTACACCTGC	TAATAAAAAA	AGTAAGCATA	1080
25	TTACATTAAA	TCTAATGTTA	CTAACTCAAT	ACTTGATAAA	CTACTATGTT	TTGACATTAA	1140
	ATATGAACTT	AATTATTTCAT	TTATCATATT	TAAGATGACA	TTAAAAATTA	GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA	AATCCCTAAA	AAGACAGTAG	TAAGATATTT	TCTAATTAAA	AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT	CTATTTATAC	AATACTTCGT	ATTGAATGGC	TTGCTATGCT	CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA	AAATTCTATA	AATAGAATTT	TTGATGATGG	GTCCCTTCCT	AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG	GCTTCGACT	GGCACTGCTC	CCTCAGGAGT	CTCGCCATTA	ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA	ATTTTACTTT	TAAATACTTT	AAAAAATAA	GACATGAATC	GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA	ATTCTATGAG	AATAGATATT	GTTAATTTAA	GAAAGTAGGC	TATTTTGAGT	1560
	TCTACTCGAA	TGTCAGTTCT	AGGAATAAAT	AAAGTTAAAC	GAGAGCTAGG	TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA	ATATAAGGAA	AATAGCAGCT	CAACGAGCTG	TACATTATAA	AATACATATC	1680
	AAAAAGCTG	ATTTCTATCA	AATAATTAAT	AGAAATCAGC	TTTTTTACAT	TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC	CAAGCCCTAA	AACTGTGTGT	TATTTATTTG	ATTTAGCAGC	GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT	ACATAAATGC	TAAAAGTATA	AACCAAATCG	GAATAAAATA	AATTGCACGT	1860
	CTTGTATCAA	CATTAATAAA	TAATAACCCG	AACACAAAAA	TGAAGAATAC	AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT	ATTTGCCACC	TAATAGTTTG	TACGTAGCAT	TTTTATGTAG	ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT	AATTGATATA	TGCAATGATA	ATCAGACCCC	ATACAACTAA	AAATAACACT	2040
55	GTAGAGATGG	TAGTCACATA	CGTAAATACT	TTTGTGCGAT	CTGGGAAAAT	ATAGTTTAGT	2100

EP 0 786 519 A2

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAGCATA 2220
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTAA TACTACAAAA 2280
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400
 TTnnATATTA A 2411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TTnCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTC TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240
 AATAGGTGTA GCGCGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420
 35 TGGTGTGTA TTTAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480
 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540
 GAGTGCAATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360
 ACAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTTATT 480
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTAC 540
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180
 GTGAACAAGA TTTAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAACCTTAGTT CATGCGAAAG 300
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG	60
TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA	120
ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA	180
AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT	240
TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCGGACAT TGATCATTTA	300
AGACTTTTAA TCCTTGtTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG	360
CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT	420
GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG	480
GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT	534

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT	60
TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT	120
ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT	180
TGTGTAACTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCA _r AA	240
ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT	300
AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA	360
GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TCGTGGCTT	420
TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA	480

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
10	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACCTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTGCTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACCTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCTAG	TAAGATTGGC	AACTTTGGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
45	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGctGa	2040
	cTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
50	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

55

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580
 GTCTTGGTGA CTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820
 15 CTGGTATGCG TAAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAAGAG 2880
 CTTTAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTATG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180
 AAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGCATTTT TCTTATAAAC 3360
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGKTACACCA ATTCATATTA 3420
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGCAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600
 40 TATTTAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 643 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGCCACC 60

AATGCLCTTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180
 ATGGCATTG TTACTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAACT TGGTACTGAT 240
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420
 10 GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480
 ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540
 15 GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTAAAC TAACGTAGCG 600
 ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTCA AAG 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2524 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCAGGCyG TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTTAT CGTGCAAAGT 60
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300
 CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360
 40 TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTTAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600
 AACATTTAAA GCTTGTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660
 AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC 720
 50 GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

EP 0 786 519 A2

GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG 960
 ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG 1020
 5 ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGACAC 1080
 TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCTT AGATTTATTC ATTGTTACAA 1140
 TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA 1200
 10 TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC 1260
 GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG 1320
 ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT 1380
 15 ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG 1440
 TTAGTGAGGC ATTTTtagGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG 1500
 20 ACCTTGGTGG ATtGATTTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT 1560
 TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG 1620
 TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA 1680
 25 AAACCTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC 1740
 CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCGA TTAAAATACC 1800
 GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA 1860
 30 CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC 1920
 TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG 1980
 GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG 2040
 35 GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC 2100
 GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA 2160
 40 TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA 2220
 ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC 2280
 CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT 2340
 45 TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG 2400
 GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC 2460
 ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTtAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA 2520
 50 ATGG 2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAATTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGTATAA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

```

TACATGTTTC GGATGCTACT TTATTTAGTT TGAAGGOTGC ATTATGGACG TTAGCGCAAG      60
AAGTTTATCA AGAATGGTAT TTAGGATCGA AGTTGTATGA AGATGTTGAA AAGAAAATAG      120
CACGAACTAC TTTTAAGACA GGTTATATTT ATCAAGAAAT TATTTTGAGA CCAGTAGATG      180
AAGTTAAGGT ACTTCTGAAT GATTTAAAAG GTGCTGGTTT CGAATTAGGT ATTGCAACAG      240
GTCGTCCTTA TACTGAGACT GTTGTGCCAT TTGAAAATTT AGGATTGTTA CCATATTTTG      300
AAGCTGATTT TATTGCAACA GCAAGTGATG TTTTAGAAGC AGAGAATATG TATCCGCAAG      360
CACGACCATT AGGAAAGCCG AATCCTTTTA GTTATATCGC AGCTTTATAT GGTAAATAATC      420
GCGATAAATA TGAATCTTAT ATCAATAAGC AAGATAACAT TGTAAATAAA GATGACGTAT      480
TTATAGTAGG CGATTGTTA GCTGACTTAT TAAGTGCTCA AAAAATAGGT GCAACGTTTA      540
TTGGAACATT AACAGGTTTA AAAGGTAAGG ATGCTGCAGG TGAGTTAGAA GCGCATCATG      600
CCGACTATGT TATTAATCAT TTAGGTGAAC TTAGAGGTGT ACTAGATAAT TTGTAATTTG      660
ATTGTTGTTT GACAGCATAA CTTGTAGTGA ATGATTGAAC CAAAGGTTTC ATATTGAGTT      720
ACAATGAAAT TAATAATGAA AAAATGCCAA GAAGCAATGG AAGTAATCCA ATGTCCTTCT      780
GGCATTTTGA ATTTACATAA ATTGTTTATG ACTGTACCGT CAATTCAGTT GTGAAAATTT      840
GATGTATTTC ACCAACTTGT TTAAGTTCAT CAATTATATT GTTTGAAACA GGTGATCAA      900
CGGATAAAAT CATTAGCGCA TCTCCGCCCG CTTCAGTTCT ACCTAAAGTC ATAGATGCAA      960
TGTGATATT GTATTTACCT AACATGCGC CAGTTTTTCC TACCATACCT GGAGTATCAT     1020
TATGATATGA CACAATTGA TATTGATTTG GCTTTAAGTC TACAGAAAAA TTATTAATTC     1080
TAACAATTCT TGGACCGAAA CCTGTAAAGA CAGAAGCGCC AACTTTAACG GAATCGCAT      1140
CGnTGATAG TTCTACCTCT AAGTAGTTAC TAAAACCTGT CTCTGCTTTA TTATTTTCAA     1200
TATTTAATGT CACTTG                                     1216

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

ATCAAAATAT TTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TrmAATAGAA AATAAATTTG 60
10 ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCTAGT GGATTAGCTG 120
GGATAGGGAG ATATTTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA 180
AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCAC 240
15 AAGAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG 300
GCCTTGACCA TGGAGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA 360
TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA 420
20 AATTTTGTA CCACGAAAGA TGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT 480
TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAATGACG ACGTTGTTTT 540
TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC 600
25 AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT 660
CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT 720
30 ATATCACTGT ATTAATAAAT AAATGATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT 780
TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG 840
AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT 867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

50

55

TACCTTTTCT TcTAAATCAT TTTATATTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG 60
ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAAATG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA 120
AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA 180
TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA 240
AGAAAAAAT TAACCTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA 300

EP 0 786 519 A2

	CAATCGCATG	CCGCAGTTAA	TTATTATAGT	AAAAACCAAT	GTACATGGTG	GGCATTTTAAA	420
	CGTCGCGCAC	AAGTCGGTAA	ACCTGTTTCT	AATAGATGGG	GCAATGCTAA	AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC	GTAAATCAAA	ATATGCGACT	GGTCGTACAC	CAAGAAAATT	TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG	CAGGATATTA	TGGACATGTC	GCAGTTGTTG	AACAAGTATA	TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG	TTTCAGAATA	CAACTTTTAT	CGCCCATTA	AATACAATAC	ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG	CAGCACGTAA	CTTTAACTAT	ATTTACTAAT	CAAAAACTT	CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT	TCCTGTATGC	GTGTGATAGA	AGTTTTTATT	TTATGAAATT	ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT	TTCAAATTGC	CGTAATTGAA	CGTATATTC	TTCTTCAACT	ATTATTTTCAT	840
	CTTTAGCATA	ATCTATATAT	AAAATTTTAT	GCTATTATTT	AAATAATTCG	CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT	TCGATATAAA	CCTTGTTCTA	AATCTCAATA	ATTTTTTGCT	GTTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA	AAAAATAAT	TTAACTGAGT	TTTTGAGACC	TGTTTAAATT	GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC	CCCTTTTCAC	TCGGTTTAAT	TGCTTTAATA	TTTAACACAG	TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC	TAAGTTTGAA	ATATTTTCGAT	TCGAATGTGA	AcATCATTTA	TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG	AAAAATATTG	TTAAACCAAA	ACTATAATTA	CCACTTTTAT	ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT	TAACTTTGAG	ACAGAACTGC	TAGTCAGGTT	TATGAATATA	TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA	TACTTATTGG	TAAATCATTa	TTTATTTGAA	GAGCATTAT	AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG	TTATAGCGAT	TCCATGACCA	TTTTTATCAG	TCAAAGATTc	ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTCAT	AAATTTATAT	ATTTGTATAA	TTTATTATGG	TAGATATCTA	CACCCGTATC	1440
	TATAACAGCT	ACAGTTATCA	TTGCGTCTTA	TCCAAATAGT	TTTTAAGAAA	TAAATATAAT	1500
35	TCATTAAATAT	CATGGCTATT	TGTAACGTCA	GtGCTTaAGA	CCTTGTCaAT	TATTGTTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA	AGAGCCCCCTG	ATTTTCTGCA	TACATATTTT	GTATATCGCT	GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT	TAAATTTTTT	TCTAACCTTT	TTCAAAATAA	AATGCTCTTT	AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA	TATAAATCTC	TATTATAATC	TCCATAAATG	TCATATCTCC	TCTCTCAAAA	1740
	AACAATTATAC	TCAATATATT	AAAAATAAGA	AAGGTTTTTT	CAGAATTTTT	AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT	CTTAAGTATC	TTATTATTAC	TTCTTTTTTA	CGCTAGTGGA	ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT	TTAAATGCAA	TGCTGTTGTT	CTTTCATACT	TACAAGCAAG	TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA	AATTCTTATA	TGATGAATAA	ATGATGACTG	CAGAAGAAAT	TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT	GAGGCATTCT	ACTGTTTATA	TTGTAAACAA	ATATCAAAAT	GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT	AAGACTGTTA	AAATCGAGAC	AAGAAGAAAC	TCGTTCCAAA	TTTGAATCCT	2100

55

	AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT	2220
5	GTTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACCTTTTCT TTAAAATCGC	2280
	TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT	2340
	TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC	2400
10	CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG	2460
	ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC	2520
	CTAATTCTTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA	2580
15	CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC	2640
	GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG	2700
	CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG	2760
20	CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG	2820
	CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTGTTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCCTG	2880
	CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG	2940
25	ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG	3000
	CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT	3060
	TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC	3120
30	CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG	3180
	CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA	3240
35	TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC	3300
	CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT	3360
	TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT	3420
40	TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTGCA	3480
	ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA	3540
	AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT	3600
45	TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTGCTCT TAAAATTCAA	3660
	TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA	3720
	ACGACAAATc ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT	3780
50	GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG	3840
	ATAAAATAAA CTTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC	3900

55

EP 0 786 519 A2

CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG 4020
 AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA 4080
 5 AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACCTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG 4140
 AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG 4200
 10 CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA 4260
 ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGcTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC 4320
 CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT 4380
 15 GCGCTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA 4440
 TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG 4500
 ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT 4560
 20 CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG 4620
 CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA 4680
 TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG 4740
 25 GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT 4800
 TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT 4860
 ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC 4920
 30 ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTCTG GAATATCACA 4980
 GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC 5040
 35 CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA 5100
 ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG 5160
 TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCTC 5220
 40 TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC 5280
 GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC 5340
 CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC 5400
 45 ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA 5460
 ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC 5520
 GTCTAACCAC TGTGTCGCTT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC 5580
 50 ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC 5640
 CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTTC 5700

55

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
5	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTTc AACAAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTTCTGTA GACATTTTCA CATTAGAAGC TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCCTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTCG TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTGCGGA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AACTGAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTCAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAACTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55

EP 0 786 519 A2

	GACACAACAG CTGTTTCAAA AATGATTGGT ACAACTGCTG GTTATGTTGG TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA CGTTAACTGA AAAAGTACGC CGTAATCCAT ACTCAGTCAT TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA AAGCAAATCC ACAAATTTTA ACATTGTTAT TACAAGTAAT GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG ATGGTCAAGG TAATGTCATC AACTTTAAAA ATACAATTAT TATTTGTACA	7800
10	TCAAATGCTG GCTTTGGCAA TGGCAATGAC GCTGAAGAAA AAGATATTAT GCACGAAATG	7860
	AAAAAATTCT TCCGCCCTGA ATTCTTAAAC CGCTTCAACG GCATCGTTGA ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG ATGCATTGCA AGATATCGTC AACTTATTAT TAGACGATGT ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA AAGGTATTAC GATGGACGTT TCTCAAGATG CGAAAGATTG GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG ATGAAGAATT AGGTGCACGT CCATTAAGAC GTATTGTTGA ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA TTACAGATTA CTATTTAGAT CATAACAGCG TTAAACATGT GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA ACGAATTAGT CGTAAAAGGT AAATAACGAC ACTTTAACAT ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC ATCAGGTCGC CCTTGCCTGT GTCATTTTTT TTAATTATTT CCCTGGAAAA	8280
	TGATTCGCTG TGTGCTGTTT TGTTCCACAA CAATCAGCAT TAATGTCACA TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT TTGAACGCTT GAAAAATTTT ACTAGTGTAT ATAAGGCATA TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA TTAAAATGTT AATAATGACT GACACTTTAA CCACTCCTTA AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT GATAAAAAAT GAATGTTAAG ACATATGCAG TGACTAGAGG ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG TCCATTTCCA TGAATAAGTC TCTTTACGGA TTGCTGCTAC TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT ACAATAGTAT AAATATCATA AATGCATACG CAGATAGCGG TGTGAATTGA	8640
35	TTTTGAATCA CATTAAACAAG GCCTGCATCA CCTGATGAAT AGATAATCGC CATCGAACTT	8700
	ACGATAACTT CTTTGTCTAA AAATCCTGGC ACTAACGTAG CACCTGCTTG CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG GTTGCACTAA CATAACAAAG AACTACCAA CCATATGTAA AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA CATTGATACC ATGTGGTCCT ACATAACTTA ATAGCCAAAT GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA TAAATGTACC TGCTTTACGA ACAAAGCCCT TAGCCTTTTC CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG TTTTAATGGA AGGCACACGG TATGTTGGCA ATTCCACAAT AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT TAAAATCGT CTTAGTAAGT ACTGTACTGA CTAAAAATGC CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT ACAGGCTTAA TACTACTAAA GATTGATTCT CTTTGAAAAA GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT AACTGGCAG TCTAGCAGAG CATGACATGA ATGGTGCAAT TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCT CTTTTTCATT TTCAATACTG CGCGCAGCCA TAATACTCGG TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA TAATCATTGG TATAAAAGAC TTCCCGCTTA AACCGAACGA TTCCATAATA	9300

55

5 AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG 9420
 CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC 9480
 10 ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA 9540
 ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT 9600
 ATATATTTAT GTGTTAATAT CTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT 9660
 15 GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC 9720
 TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT 9780
 TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA 9840
 ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC 9900
 ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC 9960
 20 CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC 10020
 ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC 10080
 CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT 10140
 25 AACAAATTGA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG 10200
 ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC 10260
 GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC 10320
 30 CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT 10380
 AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC 10440
 ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA 10500
 35 ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG 10560
 TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCTAAAG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG 10620
 CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTTA ATGTTTAACA 10680
 40 TACTATTTTG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCCTA 10740
 AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTA AATTGTGAC 10800
 45 ATTGCAAAAA TGT 10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
15	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAAmACTTA CAAATGAAAC AATTGCACA W CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCAATGTT GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC TTTTGTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTCAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAGcTGTA TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTTT AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATACT ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAGcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
20	ATAGACAACCT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCGT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTTCAGGA CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACCAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGAA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGTAATT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAGT ACTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55

ATTTTGTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA 3600
 CTAATGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT 3660
 5 CATTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG 3720
 CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC 3780
 ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA 3840
 10 TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA 3900
 TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA 3960
 GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA 4020
 15 CTAATGAAAT AAGTACGGT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTA 4080
 CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT 4140
 20 ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA 4200
 AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT 4260
 AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT 4320
 25 CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG 4380
 GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT 4440
 GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG 4500
 30 CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA 4560
 GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA 4620
 AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAAGG GATTTAAATT AATTAGTGT ATCTTGATA 4680
 35 TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTCTTCTT TTTTATCTT TAATTTTTCT 4740
 TCAACTTCTT TAGCTTTTTT TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT 4800
 TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTGTACT TTCGTTAAAC 4860
 TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA 4920
 TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT 4980
 45 AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGKtCAT TATTTAATT AACTTGCCAT 5040
 TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAAAAAAG TTGATACACA TGTCATAAT GTGTGGGAAT 5100
 TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC 5160
 50 CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA 5220
 CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTCTTA GTTATCGGTA 5280

55

	TTTTCATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAG TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTCTTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG AACAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAAATTCAC TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTGAT TTAGATAAAA	5760
	TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG	5820
15	ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT	5880
	TTTGTTGGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG TGATTGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACCTTC CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA TTATTTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG	6120
25	AATTTATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTTCTT ATTCGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTA	6360
	CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA	6420
	GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAAAC AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT TATGGaATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTmACA	6540
	TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT	6600
	GAAATTTGGC AAACAaTTTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT	6660
40	CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT	6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTtTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATTT TTGAATTAAT	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAATTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTTGTCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGAAGTACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTAAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
40	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTAATAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGtGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

	AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTGCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
5	CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
10	ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
	TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTTCG AAAGACTTAA	240
15	ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
	ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
20	CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTCmGC CCtTGCGAGA TTTTGGGGT	420
	ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
25	GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAA GAGTTTCGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
	CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
30	TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
	ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
35	ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
	AAAGATCCAA CAAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
40	TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
	GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
45	TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
	TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
50	TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
	AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
55	TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
	ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
	GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT	1380

EP 0 786 519 A2

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620
 CATTGTGCA TTACTIONACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680
 ATTAACATAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAACATAAC TAGATGCAAC 1740
 10 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCACTAA 120
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180
 30 CCCCATTAA TTTTAAATT TGTTTTCACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTT AACAAAGTTTG 360
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTTa AATCTACTTC 60

	GATAATTTCh	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAAACAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GcTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGcG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCaAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTAAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTFACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTATGTTT TCTGATAGGA 1980
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040
 5 AACAAATGGTT GGTATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220
 10 ACATTTCTGT TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTTGAG 2280
 TCTTCCTGAA ATCTCATTTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400
 15 TCACTCTTTC TTAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATACACC GACATATTTT 2460
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aAAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 790 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTGAGATAT GGCATACAAT 120
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTAAATA 180
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360
 40 ATGACAGATT ATTTTGTGTT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAACGTAT GGAAGGATAC 480
 AATGAAGCGC GTTGGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

	ATAGATGAAG GTGCAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
5	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
10	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
15	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
20	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
25	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
30	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
35	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
40	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
45	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
50	AATCAAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
55	TTATTTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
	CACATGCGTA TGTGAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
	GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAC TATAAAAATG	960
	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTTCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG	1080
	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
	TAGGATTATC AAAAGAAACT ATGGTAAGTC CTTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
	TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTGTTTG	1380

EP 0 786 519 A2

	CTGTATTGGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA	1500
	TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT	1560
5	GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG	1620
	CTACaGCATT TGGTACTAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGgaAGTAG	1680
	aAAAGGtATT TGCatGTGGc gGTatACcTA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG	1740
10	CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG	1800
	CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT	1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1600 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25	ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCCtAATAAC AAAAGAATAG	60
	GTTTtaAAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT	120
	ATGaATGTGA TGA CTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA	180
30	AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC	240
	AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC	300
	TGTTTTTGGa TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGGAATAAAT	360
35	AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT	420
	CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT	480
	AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT	540
40	TTTGTATAT CTAAATCGTA ATTTATGATT GTTTATTCGG TCCTTTGATG TTTACTAAAT	600
	GTGACTTTAA ATCTTGTCTT AATTGTTGTA ATTCTTTTTC AGCTAATTGT CGTTCTTCGC	660
45	GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC	720
	GTTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT	780
	TTTGTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC	840
50	GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT	900
	TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA	960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCAATTTTC 1140
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTAAAT GTGTTTGATG 1260
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCGATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320
 10 GATTTCAATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAAATTCTT TTAAACATAG ATGGTTTATC 1380
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440
 15 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500
 CATTGTGTTT TGKAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TGTTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1227 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGGACG TGATTTCAA GACGTCGTTA 120
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCGATTCAA GATGAATCTT 240
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300
 40 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTAAAAAGCT TGGCAATCAG 360
 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAAACT 420
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480
 45 CACAATTAGC ATCAGCATT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AAACAGCAGT GGTACTGCAC 1080
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1953 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTTCATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTCAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480
 GCATTTGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540
 40 CGTGTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTGGCGCA AGTGACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660
 45 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTGAAAA 780
 TTTAGAGTAT AGCACTTAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900
 TATTAAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200
 TCAAAATATG AAGAGTGCGA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260
 TGAAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAAATTAT CCGGTAAAG 1500
 15 AGAAAAAAT AGTTTGGCca CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTT 1560
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620
 CcACAGTTCT AATTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAATT TATATGAAAC 1680
 20 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTGATTT CATTACTTAT CATTCTACT GTGATGAAAA 1740
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800
 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860
 25 CATTAAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGa AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3787 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCaTTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60
 TGTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120
 45 TATCCACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAAATGA 240
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGrCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

EP 0 786 519 A2

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTTATTATC AATCTGCAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATTC CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTGTG GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTGCT TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTGCGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CAC TTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTC AATGCGTGTT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTGA CATATAAAGA GTTAACCTAT TTACCATTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAT TACTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTTGAC GAGTGTATTG GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmAcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
15	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTG GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAAGAAA TTTGGTCTAA GCGGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTGc TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTTGTC CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
40	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TCGTTAAAA	3600
	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGChAAGA CGGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACTTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTACCAA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAACT TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTThAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAATTTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AACTTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TCGTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
40	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTGG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTGG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGCAGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTTAAGT GATTTCGCATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaaaa TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180
 CACGCTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240
 AAAGCGAGAA CAAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACG 360
 aTGCCCATTTG TACTTGTtGA CTGGTCTGat ATCcgTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420
 CGAGCTTCAG T 431

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTGCGTCA CGTAGACAAC 60
 CTCCATAAAG TTACTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAAA TTGGAAnAAT 120
 TATAAAATTT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180
 ACTGTAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAnAATAT 240
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTGGG ATGATGTGGA 420
 ACAGTTCAAT ACAGTGCGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480
 TTCTGTCATG GGTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

EP 0 786 519 A2

	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT	900
10	AGGTGTGTTC ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTTCAG	1080
15	TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC ACACTATTTA TTTATGGCGT	1260
20	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAACGCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
25	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
	CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT	1500
	ACACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCCCTATT	1560
30	TAAATTATTA CCAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCGCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
	ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCa TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGcAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAAATGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTTGATTCT TCTTTTtagc AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTGGA GGGTGTAAAA TGACTAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCAATGC	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGC ACTATTCAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGA AAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCAGT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

EP 0 786 519 A2

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACCTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGCA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTTAGAAAAG	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTGCGAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTTAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTCGCT	TAACGGGTCA	2700
30	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTTGAATAC	GGCTATAATG	TGGA AAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCA	GATTAACATT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTTACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTAGAT	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAAATGTTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GGTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540

55

AGAAATTCAT AAAC TTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAGTAGGG 3660
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840
 AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TCAATTGCT ATCATCGGCG 3900
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960
 AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020
 15 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080
 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACACACAA CAAGCATCTG 4200
 20 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAAATGT 4260
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320
 TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAAGC 4440
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620
 TTTAGCAGTT AAAGCAGCAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680
 35 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740
 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

EP 0 786 519 A2

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTGGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTTCGTTGAA TGGATTTTTG ATTTTCGTGAG GGAATCATT	600
	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
15	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACITCA	900
	ACATTAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCGA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
35	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCACTA GGTCTTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAACT AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1143 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180
 TAATCCATCC AATAAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTGTA 240
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTACC ATACGTTTCT 420
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600
 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660
 40 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCATTACT 900
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATT CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTTaAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

ATT

1143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 506 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

```

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC      60
CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA      120
TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC      180
CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT      240
ACTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC      300
GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA      360
AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTATGA      420
AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA      480
TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT                                          506

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

```

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG      60
TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTACTTGAAT      120
TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA      180
AAGTTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA      240
TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG      300
ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCTTAG ACAAATACT      360
GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC      420

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

```

TGCACCTTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA      60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT      120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA      180
ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG      240
AGTGTATTTA GCTGTGGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTCAAC      300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT      360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC      420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT      480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT      540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG      600
TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC      660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG      720
TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC      780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT      840
TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC                                             862

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

```

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA SATAAACGGT      60
CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT      120

```

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC	240
	CATTAAATG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT	300
5	ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT	360
	CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC	420
	ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTCGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC	480
10	ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC	540
	TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCBA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC	600
	GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTGTACA	660
15	TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA	720
	CTATTCGCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTATATC AACATCAATC	780
20	CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA	840
	ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT	900
	TGCTCAATA TATGACTTAA TTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGKAAAT	960
25	CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGa	1020
	TACCATT	1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1006 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
35	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40	AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAAA TCCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG	60
	TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG	120
	GGGGCATACC AAAAGATTTT ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC	180
45	CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGa	240
	TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT	300
	ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG	360
50	CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTAAGTATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG	420
	GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa	480

55

EP 0 786 519 A2

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660
 5 GCTCATTGTG AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCGACATGC AAAGAATACA 960
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTtan AGnaAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60
 GTAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360
 CATTCAITGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTAAT GCTATGAATA 540
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTGCTCAAA 600
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTTTAGGA AACTAGTGAA 60
 TATAACAAAT CCCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120
 CTAAGCTGCA ACGGTTCTTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTAATATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAATTGCAA 360
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCTGCA 420
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTCCAA 600
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660
 25 AAATATTGT 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60
 TATCAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAAT 120
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAA 240
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctChCTA 480
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

55

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTAAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660
 AATCATAATT GGATAAGGTG tTTGTGCGTA CAGTGTTCATA ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTtK GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840
 TTCGTTTTGT GTATTCACCTT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACCTTTCTA AATCAACACG 1020
 15 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080
 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CTTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCCAA TTAAGACAC 120
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAAT TATATCCAAC CAAAAATCTC GATGATTTTT ACGATAAAGA 180
 AGGCTTTTCGA GATCAAGAAT TTAAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGGATAG TTAATTCTGA 240
 40 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300
 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600
 50 ACAGTTaAgA AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660
 CGATGGAGAT TTAAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTAC CTTTGTGCGAA 720

EP 0 786 519 A2

AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA 840
 AACAAAGTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA 900
 5 GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT 960
 GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC 1020
 TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA 1080
 10 AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC 1140
 TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA 1200
 TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA 1260
 15 TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA 1320
 GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC 1380
 20 TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT 1440
 AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA 1500
 GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC 1560
 25 AATGATTACT ACCCCTAGTC GGCGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAAT TGCCCTCGTT 1620
 GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAATCTGG 1680
 AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT 1740
 30 tAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2407 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA 60
 45 GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA 120
 ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT 180
 ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTAG AGGAAGAATC AACAAATAGC 240
 50 TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAAG ACAACATGAT GATATTTTATT 300
 TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA 360

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATNT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
15	ATAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCTG	1260
	TATTAATGAT TCATTTCTGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
40	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

	GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT	2280
	GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG	2340
5	GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAATAC ATTGTTAACA	2400
	ATTAACG	2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2424 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

20	ATGATGnATG GCnCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC	60
	GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTAgTAgCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA	120
	GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT	180
25	TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA	240
	TATCTTG GTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC	300
	GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA	360
30	GAAAAAGRAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT	420
	TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA	480
	ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG	540
35	AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA	600
	TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTCGGA ATTAAAGGTT	660
	CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG	720
40	ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC	780
	CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA	840
45	GTAGCCaTGA AGAAAtAGTA CGTGCAATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG	900
	ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA	960
	AAACTTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT	1020
50	TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTTCGCT TTTGAGGCAT	1080
	GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG	1140

TGGCACATAA TGTTAAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT 1380
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440
 TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG 1740
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800
 20 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA 1860
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920
 GCATGAAAAA TCGGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100
 GTTAAGAAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA ACACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAAC TGAGGATATC 2220
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAATCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CCGTGACTCA 2280
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT 2340
 35 CAAAATGAAG ATAAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA 2400
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 738 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60
 GTGGGTAGTT TTTTtagTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240
 GTTTCACCTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300
 5 GATAGTTTTG ACATTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATG 420
 CATTCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAAT 540
 GAAGAAATAA TAACTTGTT AATAAATAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1270 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:
 30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAAAACAA 120
 CTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300
 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTA CTAAAAAGCG CTAGAACAAA 420
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600
 ATGATAATTT ACAATCATT TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660
 50 AACAGTGATG AGCCCATTA AATTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

55

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260
 15 CATTGGAACG 1270

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACAmGTAA AACAAATATAC AGTTGaAATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGac CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360
 GTCATTcATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTAGAAG 900

EP 0 786 519 A2

	GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG	1020
	CGCAATTTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG	1080
5	GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGOTTTT GGATATGATC	1140
	CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG	1200
	GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA	1260
10	AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA	1320
	ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTACATT TAGGA	1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1383 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25	AATTCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT	60
	CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG	120
	TGCTGCACCA AGaAACAATT CATTAAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC	180
30	CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT	240
	ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG	300
	TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTG AAACCTGTAG AAAAATTCCA	360
35	AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT	420
	AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC	480
	TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTTAACTT TCCATTCGCA TGCATGTTAC CATCATGAAA	540
40	AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA	600
	GCTAACAAC AACAATTAG CACGTTTGTC TTGTTTCAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG	660
45	TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTAAA	720
	AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG	780
	CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC	840
50	TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC	900
	TTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA	960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAAGAG CCTGAACAAA 1200
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTT TGCAATAATT 1380
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 415 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

TCCACTAANA TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60
 ATGATTAAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300
 GTATTTTAAT GGCKGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1141 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60
 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120
 50 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300
 CCTGCCACACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTTTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080
 TTAAATGTTT TCTATTAA TCGTTGTTTt CCAtTTCGtK TAaAAATGtT CyTATATTCC 1140
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 706 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60
 CTAATAACAC ATATTTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTTCCTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAAnAAC 180
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300
 GATAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTAY aCGTTTACAA TGATTTTTCa GATCATTACC 420
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAActAATA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480
 35 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540
 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAACTTC 720
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTAA AGAAAAAATT 1020
 50 TCACTTTtag TTCTATTATC ACTATCATTa GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 847 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA 60
 CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAAGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA 120
 ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA 180
 AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT 240
 GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAACTTT AAAAAATAAT 300
 ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCCTTGTTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG 360
 AAAGTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC 420
 GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTAAT ATTCCGATTG 480
 GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG 540
 ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT 600
 TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA 660
 TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGA GCGATTAAAC TTTAAATTTG ATGAACATGC 720
 ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA 780
 AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG 840
 TAGTTTT 847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 740 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT 60
 GTATCGTCGA TTAAGTCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTTAT CATCATGAAA 120

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TGCGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTGAG 420
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600
 15 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660
 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 630 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240
 AAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420
 GAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540
 TCGTCACTTT TACCTGTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600
 GGTACTATCA AACGTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
25	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
30	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCACAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTTAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTTGGT TATGGATTTT AGCGTTAGCA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
45	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTGCTGGT	1560

55

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTAAAGC	1680
	AAAGGTTTATG ATTACAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGTAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTTCTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTGTGTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTAAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
50	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAA GTTTTTAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAATCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAAGwTAAG GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
30	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGT TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTA CTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATAAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
50	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAALAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

ACCATTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT 5280
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340
 5 TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400
 GACAAGAGAT GACGCGCAAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCAATCC 5640
 15 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700
 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760
 TTTACCCGAA GACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820
 20 TGTAGTGGGT GAAATCATTG GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880
 TCGGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GASGTTTCGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGaTATA GaAATGcEtC TAGGCTCTAA 6060
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120
 TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT 6240
 CACGATTTTA AATG 6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3710 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTCTTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTGT 60
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTCGTTGAA ATTCCATAAA 240
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG 420
 GCACCTGTAC TCGCTGTTAA AACTGCAATT TTTTITAGGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA 480
 5 TTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA 540
 TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTTACAT AAATTTGATA GTTTCACGA 600
 CGTTCAAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG 660
 10 TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTTC TTTATCTTTC 720
 ACATTAAAGT ATAAATGaCC ACTTGaATGc TTTTITGAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC 780
 15 AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT 840
 GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA 900
 TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC 960
 20 TTCATTCAAT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTTCATATG TTGCCATTCT 1020
 TAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT 1080
 AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAAACTAGCC AATGAATAAA 1140
 25 TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA 1200
 ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT 1260
 30 ACGACTCATT TTTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG 1320
 GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTCTT 1380
 ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT 1440
 35 GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA 1500
 CTCTCGATTT TTAAATCACG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT 1560
 TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA 1620
 40 ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT 1680
 ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTCAATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA 1740
 AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA 1800
 45 ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCAT TAGTGACGA ATGCCAGCCA 1860
 TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT 1920
 50 ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG 1980
 GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG 2040
 CATTAATTCT AAATTCATTT GCGTGTCTTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA 2100

55

CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTC CATAAAATAA AATTTATTAT 2220
 CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTC CCGCATT TTC ATAATTTACA GCTTTGCTG 2280
 5 CACGAAGTGC GGCATTTCCC ATTCACGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340
 CTTCTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA 2400
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC 2520
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580
 15 CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GCGGATTTT TTAGCTTCTG 2640
 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACCTGG AACATTGGCT TTGATCATTT 2700
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA 2760
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820
 AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTTCA 3060
 TTATTTTACC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTACTAAGAT 3120
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180
 AATACACACT GTTGTTCAT TGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC 3240
 35 TGGAGATGGC GATTGTGAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC 3300
 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACCT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCCG TTAAAGTTGA 3480
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540
 45 CAGTTTGTTT TCATCTACCC GTCTATTTTA CTTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600
 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT 3660
 AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTTGA 3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1705 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTTC GTTGCCCTTn TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTITAATGTA ATAGAACCCT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTTCTTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTGATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGEGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTGATGCA TGTTCATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTAATGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA ATATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1722 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTCAACAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTTA TAAATTTTTTA	1200
50	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTAGC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

EP 0 786 519 A2

CGAAwTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TCGTTTCCTC 1440
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GTnAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTTG TTAACTTTCG 1500
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCATATG CATGAGTTGC GAAnTATCTA ATGTCGTGAA 1560
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTT TACTCTACCA 1620
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680
 10 TAGTACTTCC TTACTTAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 5521 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCACT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60
 25 GAAAGCGAcC ATTyCAATAC GAaTTgTGat AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTTA GGGATTTATG TCCCAGCCTG TTTTTTGTGA 180
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA 240
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCACGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300
 CGATACAAAG GGTTATTAACT TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360
 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420
 35 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAAATG 480
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTTGAT 540
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTGCCCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCATTGT TAAATGGGTA GGTGCAACT 960
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA 1020

55

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAG TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCGATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATTAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGTACT CGTGTAAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
	GCTTAGCTTG TGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
30	AATCACGACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TCGCGGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTGTGTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTGTGATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC	2640
	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTTAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
50	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC ATTCAATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTATT	ATGCTTACCA	TTACATTTTA	AAGTAACTAA	AATACCTGAA	GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC	GTTAAAAGTT	ATTATAGATT	ACTTCAAATT	ACATATGGAA	GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC	ATCATTATTG	ATTATGGCGA	CAGGTTTTTC	ATATACGACA	CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA	CAAAGTATTT	CCGGGGAAAT	CTGAAATATT	TGGTATCGCT	ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG	TGGTATTATT	GCAACGCTAG	TTTACCTAA	AGTACTTAAA	TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT	GTATTATTTA	AGTTCATTTT	TATTTGGCAT	TGCTTTGTTA	GGTGTGGTAT	3240
	TTCAACAATAT	TGTCATCATG	TTCAATTTGTA	TTACATTGAT	TGGGTTATTT	AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC	AAATCGCGTT	TATTTTCAAA	ATAATGTTAA	AGATTATGAA	CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT	TaTTATGATG	GgATAGAGGT	ATGaTTCCAT	kGGGAAGTCn	ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG	ATGTGTTTGG	CATTGTTAGA	ACTTTTTCAA	TAATGGGAAT	AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA	TGGTATTCTA	TTTTATAAAT	AGAAAGTTGA	AGTTAAAGTT	GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA	TATCTTGAAT	GGGCAAAGGC	AGATAGAAAT	ATTCAATATC	GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT	AAAGAACGTA	TTTACCCCGA	GCAAACATTT	ATTTGCGAAA	AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT	CAGTATCATA	TGCATGTGTT	GACTATTGAA	GTTGTTAGAA	AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT	GAGTTTACAG	GTGATATTAC	TTATTTAAAT	AAAGGTGAAA	CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA	GAAGGTTTAT	TAGATGTGTT	GAATCATGAC	TTTGATATCC	CTATTTTCAGA	3840
30	GCGACTACGC	GAAGAGTTAA	TACACAGTCG	AGATAGTTTA	GTTGAAACAT	ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA	CAAACGTTAA	TAAGTCmaAG	TTTTAAATTT	TCAAGGTTAC	CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT	TCakGGTtAC	AACATGTAAA	AGATAGTGAT	AAGACAGATG	ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT	TTGGTACCAG	AGGGGCATCC	AACACACCCT	TTAACCAAAA	CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG	GAAGAAGTAC	GAGCATATGC	ACCTGAGTTT	GAAAAAGAAA	TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG	ATTGAAAAAG	ACCATGTTGT	GTGCACAGCT	ATGGATGGTA	ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT	GAAATAATTC	CCGAATACTA	CAATCAGATT	CGTGTGTTTT	TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA	AGTGAAGACT	ATAGAGCGAT	TTTAGTACAT	CCTTGGCAAT	ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA	TATTTTGAAG	CATGGnTTGC	TAAAAAATA	TTAATTCCAA	CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA	AAAGCaACTT	aTCatTTaGG	ACGATGTCTT	TAATTGATAA	AccATACCAT	4440
50	GTTAAgTTGC	CCgTCGATGC	aCAAGCAACA	AGTGCCGTTA	GAACAGTCTC	AACTGTGACT	4500
	ACTGTAGATG	GACCAAAGTT	AAGTTATGCT	TTACAAAACA	TGTTGAATCa	ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG	CTATGGAACC	GTTCCGGTGAA	TATGCAAATG	TTGATAAAGA	TAGGGCACGT	4620

55

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGGA ACGATACGCT 4800
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACCTGGGG CCACATTTTG ACaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT 5040
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100
 15 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160
 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTACACCCA 5400
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1261 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAAACACG ATGATGATTT 60
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT 240
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300
 TGATTAACTA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAACTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AACACGAGCT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020
 15 AGTGTTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140
 20 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAAATGGCA 1200
 AATATTTTTA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAACTAG AnAAAAGGTAA AGATACTGAA 1260
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTATCTG 180
 AACAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATCTG 540
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAaaAC AATTATTTcG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTcATCTC TATCCCTcCT TGTAaATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGACTAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGGAATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTGTA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
35	AATTGGAaTTT AAAACGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
	TTCTGTcATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGLATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATcATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGGAaA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTcGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCCAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

15	TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
	AAAATTGAAA AACTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
	AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
20	AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTTGTGC	240
	AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
	GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
25	AACTAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGACTA GTCAGTTTTG	420
	ATTTGATTAT AGCTAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT	480
	TTAAGTAAGT TGTATATAT TTCTTTGAGT TGTGTTCAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
30	TCGTAATAAA TTTTGT TTTT TAGTTTATCA GGTAAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
	ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
	TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
35	GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
	GCTTGGCTTA GTGGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
40	GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
	AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
	AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTTGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
45	TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
	TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 579 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60
TAAACTTCTG TTCTGTCGTG TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120
ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180
10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240
ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTACG TGCTGAAGAC 300
TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360
15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATKGA 420
TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480
ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540
20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

25 (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1342 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

30

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60
35 CAGGTTGAAC TGTCACTTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTCTA 120
GGTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180
TTTCCAGCTT TAGCATTGTA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240
40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300
AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360
GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCTA AAACATTGTT AACAGATAAA 420
45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTFACT TTCTAGCATA 480
TTATTTCACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTTCAGCA GCAACTCTTC 540
AAAAATTTCTG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600
50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

55

TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140
 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200
 15 ATAAAGTACA TACCAAATA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTCCATA 1320
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1073 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180
 TGATCTkTTT TTTCGTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240
 AGTTTAAATA TAGCTTCAnA TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300
 40 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420
 TATTAGTGTT TCTAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480
 45 ACGTGAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600
 50 TAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAC 660
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCAATTT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAr AACATTtTACA CGCGArGATA 1020
 10 TTATAGAgAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60
 AAATGGCAAA TGGAAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAGC CTAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCATTAAT ACCCCAGTTG 300
 30 AAATGTTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360
 TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540
 GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600
 40 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660
 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840
 TACCTTTTaT TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AACTACAAT 1020
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCCT	1560
15	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCa ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAAGTGCAGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACCAAC GAAGTATAAT AATGAATTTT TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACCTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCACAA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTGTTT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTCA CGTATGATTA 3060
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCC 3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

TCITTATTTC AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACCTCCT 120
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300
 TTTCTATTTA TTTTGCGTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AgAATATACA CATATTATTA 540
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGCGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTTCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840
 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTGTGTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35

ATTCATGTGA	TCTTCTTTTT	CAGTCTTTTT	GTTAATCACT	TTTTTATTTT	TATCAGCAAC	1260
AAGTACTTCT	GACTCTTCAC	CAGATTTTTG	TTGCGTCACT	TTATAAGCCC	ATTCACCATT	1320
AGAAATTTCA	AATGAAATTC	CTTTCAACTT	TTGGCCTTTG	TAAGTTTCTT	CAGCTTTTTT	1380
CACAGCATCT	TCTGGGCTTG	TTTTAACATC	TTTTAAAGCA	ATAACATCTT	TTGTTGTATT	1440
AGTGCTTGA	TTAGTATTTG	ACTCTGTTGA	TTTTGTTTCA	TCTTTTGGAG	TATCATTGCC	1500
ACATGCAGTA	AGCACCACCG	CTGACATTGA	TAACACTGCT	AATGATTTTA	ATTTCATAAT	1560
ATCACTCTCT	CTTCCTATTT	TTGAACTCA	TAACAAAAGC	TTATATGCTA	TATAGATTGT	1620
ATTACCCCTT	GTTTTTAATT	TTATTCATAA	TTATTACAAA	TATTTTTAAA	TTAATCGTCA	1680
TGCGTTACTT	TCGTTGCTAC	TCCTTTTATA	AATGAACCAT	GTAATATAAG	CATGCTATTA	1740
TCGACTCAGT	TTGTCTAATG	CTTCTTTTGG	TACTTCTTCC	TTTTCAACTT	CTTCAAAAGT	1800
TTCTACATGA	TGACCTTTAT	GTGTAATTTT	CAAGTATCTA	TGCGGTTTAA	CATCAAATGT	1860
AGCAGTATAC	ATTAATTGCG	TCTCTTTCCC	TTCTTTATTA	AAAACACTTT	GACTATAACT	1920
TCGGAGTTGA	TCATCCATTC	TAGTAGACAC	CTCTGTCGTT	TTAACATAAG	AATCATCCTT	1980
CTTTACTAAT	GGGTAAATT	GATCTGTTAT	ACCATGGGAG	TCTATTGTTT	TTAAAATGAA	2040
TAAAGCagCA	TAAGCGCCAA	TGATAGTAAG	TACAAGATat	GtKATTGTTT	TTAAAATCGT	2100
TTCAAAAGA						2109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 813 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40
 45
 50
 55

GTTACATAAA	TGAAAACAAA	AAAGATAATT	TTACTGCTTA	TGCTACACCA	GAACATAATT	60
ATCAATTTGG	TGGTGCTATG	ATAGAAAGTG	AAAAATTAAG	CGAGTTACTA	AAGCCAGCCA	120
ATCAGTTAAA	ATCACCAGAT	GATATAAAAA	AAGAACTAAA	TAAAAAGAAG	AGTCACTAAA	180
GTTAGGAGTT	ACTTTAATGT	CCAAAAACA	TGTTTTTATA	ATTATTGGTG	TCATATTGTG	240
TATATGTACA	GTTTCTACGG	TCATGCATTT	TAAATGAAA	TATGATGAAA	AAGAAAAACA	300
AAAAGCGATT	TACTACAAAG	AACAACAAGA	ACGTATTACA	CTCTATCTTA	AGCATAATAC	360
TAAAGAAACG	AACACGATTA	AATCTGTACA	TTTCACAAAC	TTGGAAACAA	GTCCTATGGG	420

EP 0 786 519 A2

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720
 10 GTTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780
 CCATTATAAG AACAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 640 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTITAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAAACATAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

EP 0 786 519 A2

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TCGCCTCAGG 240
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTTC 300
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAA CAATTGTAA ATATTTGCTT TTATCATTG ATAATAAAAA 480
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACITA CTTTTAATTT 660
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTTGTA 900
 TCATACAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TAAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020
 30 TTAAATTTT AATTTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTTTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1879 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTTG TTTTAATTA ACTTTAGTAA 180
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTGTGAAG TCATGTCTGC 360
 ATTTGGAAGT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT 420
 5 CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT 480
 AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAA GAACGTATTC AAATAGGATA 540
 ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACCTAG ATTGCTTTTT 600
 10 TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAGTAGTAA 660
 CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC 720
 GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG 780
 15 TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG 840
 AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGCACCTT ATAAACGACA 900
 20 TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA 960
 ATTCAAGTTT GGTTTATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT 1020
 ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT 1080
 25 TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA 1140
 AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA 1200
 ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA 1260
 30 TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC 1320
 TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA 1380
 AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCA GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA 1440
 35 GCTTGTACAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT 1500
 TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC 1560
 ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT 1620
 40 GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTGCAATT 1680
 ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT 1740
 45 GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC 1800
 ATaTCCAGAT aAGCCaTGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT 1860
 ATAGTTATTC ACCATTAGG 1879

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2710 base pairs

55

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTT TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTT ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgnTTTCTGG CTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGA CTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCAT CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAGGT TCITCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTAAAA GTGACCAAAC CCAAATAAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTC	1500
	TCGTATTACT TTA CTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTAAGTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAAC 1680
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAAGTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAAGT ACAAGATTCT TGCGTGCCTA 1920
 10 TTTCGAGCGA TTCGATTTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980
 TGAACCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTTAAT GCAGCTATTA TTTTGTACAG 2040
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTAAAGGC 2220
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT 2340
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTATA 2460
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520
 TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580
 30 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAwA nGGGskCTAA 2640
 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC ChCCACATTT GGGGGAGGAC 2700
 CTAAAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaaaATTC CAAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAAACC CtGTGTTTTT 60
 AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TAgtAtTGCC 120
 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180
 50 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360
 ACCTACGAAG TACTTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGGTTC 420
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCCTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTT ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720
 TAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAAACT AGTACATTAG GAGTTTTGTT 780
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960
 20 GTGCTATTAA AATAATTGtt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020
 TCCATAA 1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 569 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180
 40 GAAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACTTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480
 GTGCGAGCTG CTTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540
 50 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10 TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG 60
 TTATATAGTA AGTCATTAA GTCGAATAGC CATCCTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG 120
 CTCAATAGTT TGTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT 180
 15 TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GCGGATAGAG 240
 TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT 300
 AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG 360
 20 TAAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT 420
 ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT 480
 TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA 540
 25 TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA 600
 aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA 660
 AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT 720
 30 TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCTGTAG ACATTTTAAC 780
 AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGT CAGGTACTGT 840
 35 ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG 900
 TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCACAAGC 960
 AAATGTAGCA GGTATTTTAC TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAagcTAA 1020
 40 AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG 1080
 GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA 1140
 TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG 1200
 45 CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT 1260
 GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAAACAT TAGAAGATAC 1320
 ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT 1380
 50 ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT 1440

55

EP 0 786 519 A2

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACmA CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGATG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAtAATA TTTTtagacG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAaaAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTtAAAAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCccGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTTC T GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGTAAGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCgTAACAA CATCGCCTTT CTTTgACCA CTTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTcGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

```

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAAGTGT CATGACAAAT TGATAAAACG      60
AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTKTCACCTT TAATCACAGC      120
ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA      180
AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC      240
GACGTTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC      300
TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC      360
ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTCTCCTTC      420
AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTGCGCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT      480
ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC      540
TCTTTGCCT TTTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT      600
GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA      660
GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT      720
CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTTG      780
TCGACTAATT CTATAA                                     796

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

```

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT      60
TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA      120
TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTTCTGT CTAAAATACG      180

```

EP 0 786 519 A2

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTLAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCTGCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTAGGTAA TAAGCGTGT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCCA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCCT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATTGTT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTTCCTAATG CATCAAATGC	1080
25	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTAAATCTT ACTACTTATT	1200
	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
30	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTTCCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTCGCAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160
 5 TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACCTAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTITGG 2460
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580
 ACCTAtCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000
 GCAATCAITa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060
 30 TCACITTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120
 GTTTGGAATA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AWTGCLAAAA 3360
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1123 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

EP 0 786 519 A2

	CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTTT GATTTTCAGAT	120
	TGTAAAGCAC TGTTTTCAC TGAATGTTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT	180
5	CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT	240
	ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACCTTT	300
	CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA	360
10	ACTTGTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT	420
	AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCTAT CTAAATCTTC	480
	TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG	540
15	TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTCA TATTCTTGGA ACACCTGTTT	600
	ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC	660
20	TAATTCAATC GCTTGTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAATGCAAT	720
	TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTGCAGG	780
	AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTTCGG	840
25	ATGTGCTTCG ATTCCTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA	900
	AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCCTG	960
	TGTTTGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG	1020
30	AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT	1080
	GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA	1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 838 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

	TATATCCTCC AnACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC	60
45	ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA	120
	ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA	180
50	AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA	240
	CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT	300

	CATTTCAAAA AATTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT	420
	GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA	480
5	TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT	540
	AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT	600
	CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAAC TTCTTTTTTTA	660
10	TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTTTAA CGAATTTTGA	720
	TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC	780
15	TGkATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT	838

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

	nGTGTTCAAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG	60
	TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT	120
30	TAACTTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG	180
	CTTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC	240
35	CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG	300
	GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA	360
	TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT	420
40	CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA	480
	TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT	540
	GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC	600
45	CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT	660
	ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC	720
	CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA	780
50	CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTGA	840
	ATTGATTTCA AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT	900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020
 ACTGCTTGTC TTCAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTAAaCA 1140
 GGtATTGCAA 1150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 797 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180
 25 ATGATGGCAT TGAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGA ATTGACCAT AGAAAGCAAC 300
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTGAAGAA CAAAAATTAG 360
 30 CATTGCCAA ACAAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTATGAT GAAACGATTA 480
 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540
 35 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTG GATATAACCG nGCGGAAAAA 780
 TAATAACnTT TTGGATn 797

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCAATTCG	60
	ATGATTTTCGk CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TGCGTATTTTC	120
5	ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT	180
	AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT	240
	CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG	300
10	CTTAATAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG	360
	CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA	420
15	CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT	480
	TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT	540
	GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA	600
20	GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG	660
	TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT	720
	CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT	780
25	CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG	840
	ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA	900
	TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT	960
30	AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT	1020
	GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA	1080
35	GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG	1140
	TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG	1200
	TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT	1260
40	AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT	1320
	AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT	1380
	GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT	1440
45	AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC	1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTAT TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGcATAATT CGaTgTAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAA'TTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
30	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAATAA TATTTGAGCC TCTTTGCAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTTT AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
45	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAAACAAC TCCGACGTAA	1380
	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTITAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAAT GACTACTCAG	1620
55	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAATCAAA	1680

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTA ACAAACTAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160
TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTTGACCCT CGCCAACTTT TTCACCTGTT 2220
15 AATGGGkTCA CTGTGAWTGG TGkTGTGAWT GTCyTACTTC CTGGkTGTCC TTCTTGTtTC 2280
ACTCGCTCTT CACCAGGTG TAAT 2304

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4733 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
25 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180
AATGAGGAGT TTAATTCtTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTGCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540
GGTGACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTctGAcGT AAAAAACAA 600
ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGGAATATGG 720
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

55

EP 0 786 519 A2

	TTAGCTTGCG	GAGACCGTAC	GATAGTGTTT	TAATAATAGA	TATTCAAGGG	AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA	CCAGATGATA	ACTCAAGAAC	CATGrTTTAA	GAGTGTTATC	AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT	TGAAAGATTG	TATATTTTGG	AAGAAAGCTT	TTATTyCTGT	TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC	TGGTGTCTT	ACTTTTTTAGG	TTTTATATTA	AaACAGATAA	CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA	GTATCTTCTT	AATTTGTTTA	GGAAGTCTT	CTATCATTTA	TAAGTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT	AAATATAAGT	ATGAAATGTA	TAAGTCACAG	TTAGATCTAA	GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTAT	ATCTCCATAA	AACGACAAAT	TCAAGCCCGA	CATAAAACAG	CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA	ACGACAATTT	CAGCCCGCCA	TTGACTAAAC	ACCACATCCC	AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT	CTACATCAAT	CAATCCAACA	TCCCTCATAA	TCACAACGCA	CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT	TTGGAATACT	TAGTATTACA	AATAACGATT	TTTATTCATC	TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT	ACTGAAGGCA	ATTTTATGT	ATTACAAATC	TAATCGTACA	TGTAAAATTT	1500
	TGATAAACAT	CATTAATTTT	GCGTAACTAT	CATTAGATTA	CAATCACAA	AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC	ATCTATACAT	CACATTTGAA	GGGAAATGaa	TATAAATGAC	TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG	CCGATATGGT	TATTGATACT	TTGAAAAATA	ATGGGGTAGA	ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG	GTGCAAAGAT	TGACTATCTA	TTTAATGCTT	TAATTGATGA	TGGTCCTGAA	1740
30	CTTATTGTCA	CTCGTCATGA	ACAAAACGCC	GCAATGATGG	CGCAAGGTAT	TGGAAGATTA	1800
	ACAGGCAAAC	CGGGTGTAGT	ACTTGTTACA	AGTGGTCCTG	GTGTAAGTAA	TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA	CCGCAACATC	TGAAGGGGAT	CCTGTATTAG	CGTTAGGTGG	CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT	TTATTACGAT	TAACGCATCA	AAGTATTGAT	AATGCTGCGC	TATTAAAATA	1980
	TTCATCAAAA	TATAGTGAAG	AAGTACAAGA	TCCTGAATCA	TTATCAGAAG	TTATGACAAA	2040
	TGCAATTGGA	ATTGCTACTT	CAGGAAAAAA	TGGCGCAAGT	TTTATTAGTA	TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT	TCACCAGTTG	AATCTAAAGC	TATATCACTT	TGCCAAAAAA	CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT	GAACAAGATA	TTAATGATGT	CATTGAAGCG	ATTAAAAATG	CATCATTTCC	2220
	TGTTTTTATTA	GCTGGTATGA	GAAGTTCAAG	TGCAGAAGAA	ACAAATGCCA	TTGCAAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC	ACGAATTTAC	CAGTTGTAGA	AACATTCCAA	GGTGCAGGTG	TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA	AATCATTTCT	TCGGTCGTGT	GGGCTTATTC	CGCAATCAAG	TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT	AAAAGTGATT	TAGTTGTTAC	AATCGGTTAT	GATCCAATTG	AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG	AATAAAGAAT	TAGAAACACA	AATTATCAAT	ATTGACGAGT	TCAAGCTGAA	2520
	ATTACTAATT	ATATGCAACC	GAAAAAAGAG	TTGATTGGTA	ATATTGCTAA	AACGATTGAA	2580
55							

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
6	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAECTAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTTT AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAACCTGAA ACGTATGTCA AAGGTTTCAGT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTC CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGAAGATAA AGTAAGTTTCG 4620
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGTAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTTAACTT 240
 30 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATTT 360
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAATATAA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420
 35 TGCTGTGTTA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480
 TGTTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTgt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660
 TGCTTACATA CTTTGcATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAT AAGATAAACC 1200
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120
 TTTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTTc AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCA TTAAAAATGA 360
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900
 45 CTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960
 ACaGcCtTCG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TAAAAGTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGTA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAACCTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTGTCT CTCGTTAATT AATTTCAATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTTCT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTCGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC 1680
 ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA 1740
 5 GCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT 1800
 TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATT C ATTGCTTG TG TATCACTAGC ATTTTCAAAA 1860
 GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCTGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT 1920
 10 CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT 1980
 TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA 2040
 15 TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA 2100
 TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT 2160
 CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT 2220
 20 CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA 2280
 TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA 2340
 CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT 2400
 25 TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA 2460
 ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAAGTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG 2520
 CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GCGCGCTGTA 2580
 30 TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT 2640
 GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT 2700
 35 CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT 2760
 GGCATTAAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTAC CAAAGAAACC TAATTCATCT 2820
 GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC 2880
 40 TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCAT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC 2940
 TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAACTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC 3000
 TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT 3060
 45 ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT 3120
 ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA 3180
 50 ATATktCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAAtC AATAGATTCT GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA 3240
 wTGaCGwATg CtTAaWACgT GTGCCAATGG T 3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55

(A) LENGTH: 1553 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTACTTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAAACCGT AATAACGATT	480
	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
25	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTT AAGTGTGTTC	600
	CTATCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AACTTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGawTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAGTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
	AAATCTGATG TCATGCACGG TGAATAAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1419 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
15	AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAAcGtTgA GATTTATACC	120
	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACTTAA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
20	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTGTGCG GCMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAATAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
25	GCTTGTTTAA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
30	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
35	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTGCTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
40	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAAATG TTAAGTAGTT	1080
45	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
50	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGAAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA	1320
	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA	1380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 608 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60
 TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAAA AATTTTGGT TGGyTATTTT 480
 TTCTATTCGT GATTGAAAT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600
 GTCCAGTG 608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 682 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAtT TCTCCCAAgA TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60
 AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTCACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTC 60
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCAT CATCACTTTG 180
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCACT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420
 35 GGTAAACAATG TCTTGACTAA TAAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480
 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540
 ATCGATATCT ATTTTGTAG ACGGCACCTT AAAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA 780
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840
 TTAATTTTAA GTTCATTAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200
 GTTCATAACG TGTTACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380
 TTTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440
 10 ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500
 TACAACTTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTT ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620
 15 CATTAAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC 1680
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740
 20 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800
 TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTGCA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA 2040
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTCGCCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160
 ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AAACGTGATTA 2280
 35 TTTAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340
 TCAAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400
 40 CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAsT TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460
 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520
 TTCCATGGCA AGTTTTTCAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3326 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	CAAGGTACCG	GTTTAGGTTT	GTTCAATTTGT	AAAATGATTA	TCGAAGAGCA	TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA	AAAGCGAATT	AGGGAAAGGC	ACAACATTTA	TTATTAAACT	ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT	GAATATAGTT	ATTTTCAGAAC	GCATGTTATT	GATTAGAGAC	TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT	TTTTGATTGA	TGTGGGGAAT	TTGTATGTG	GATTAGAACT	TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA	ACTATTAAAT	ATATTACTAA	TTTATACAAA	AATATAAAGT	TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG	ATTATAAAAA	TAGGGTAAAA	TATAGATATA	TTGTATTAAT	TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT	ATGAAAAAAT	TCATTGGATC	AGTTTTAGCT	ACGACATTAA	TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG	ATGGAAGATG	AATCAAAAAA	AGACACAAAA	ACAGAAACAA	AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG	GAAGCTTCAA	AATATGTAGG	CCAAGGCTTC	CAACCGCCTG	CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA	TTTGCGAAGA	AGCATCGTAA	AGAATTTGAA	AAAGTAGGTG	AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC	TTTGGACTAA	AAGTTAAAGC	TACAAATGTT	GTAGGTAAAG	ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT	GTGCATTGTG	AAGATCATGG	CATTGTATTT	AATGCAAGTC	TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC	ATCCATCAAA	AAGGATCAAT	GCGCAGTAAT	GACAATGGTg	ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG	GGTACAGTGC	TGAGTGGCTT	TGAATATCGA	GCGCAAAAAG	AAAAGTATGA	840
	TAACCTATAT	AAATTCTTCA	AAGAAAATGA	AAAGAAATAT	CAATATACAG	GCTTTACAAA	900
	AGAGGCAATT	AACAAGACAC	AAAATGTCGG	ATATAAAAAT	GAATATTTTT	ATATTACATA	960
30	CTCTTCTAGA	AGTTTAAAAAG	AATATCGAAA	GTATTATGAA	CCACTGATTC	GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT	AAAGAAGGAA	TGGAACGAGC	AAGAAAAGAA	GTGAATTACG	CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT	GCTACACTTT	TTTCTACTAA	GAAAAACTTT	ACTAAAGACA	ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC	GAACCTAAGT	ATAAATTATA	TAATTTAAAA	AATAAACCAG	ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA	CAAAATAGGGA	AACCCACTAT	TAATACTAAG	AAAGCCTTTT	ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA	GAATATGGGG	TGCACAGTAA	AGATGAATAA	AATTAATGAT	AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG	TAGTTACTGG	GTATATCAAA	ATATTGATAT	AAAAAAAGAA	TTTAAAGTTA	1380
	ATGGAAAAAG	GTTTAAACAA	GTAGACAGTT	ATAATGATGA	TAAGAATAGT	AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA	TATTAAAATA	TATGAGTTAT	TAGATGATAA	AAGTAAACCA	ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT	TTATCAAGGA	ACATCTAATG	AGGCAATTAA	TCCAAATAAT	CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT	TGGAGATGAT	TGGCTCCAAA	ATGCTAAATT	AATGAATAAT	GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA	TTTAAAGCAA	ACAGATCAAT	TATCAAATCA	ATATAAAATA	AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG	ATTATCAAAT	AGTGATTTTT	TAAAAAAATA	TAGAATGGAA	TCAAGTAACT	1740
55							

	ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGACTCAGCA ATGATTCCCTT	1860
	ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTGCGATT GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TCGGTTGAGT AAAGTATTA	2280
15	CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTAAACA	2340
	TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT TAACCTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA	2460
	ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA	2880
	AAATGAAAT ATTAAGAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC	2940
35	AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA	3000
	CAATTCCTCA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAT GTAAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTTCTTAA TGATTTAAAA GCAGTGTCAC	3180
	CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA	3240
45	TGAYatWTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG	3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5301 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAATCATG CTCTTTC AAA CGATCTATTA AAGTTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGT TTTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGT TCTTTCAA AAT	300
	GAATTATTAC TTATTTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATT CACAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTGTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTGCGCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT CCGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTTGTCCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTCGGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTC AATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTA	TTTAAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTG GTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATTT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCGTGTA	AATCTTTTCGG	2040
	ACCTTGTCCT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TGTAACTCA	AGCGCATTCG	CAATCGCACG	2100
15	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTACAAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTG GTAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC	ATTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAAG	CACAAGCGAA	AATTATATATA	GCAAGCTATC	GATTTTCATT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTTATG	ATGTCCTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TGCGACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
50	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACCTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

	TTTAATGCGC	CGATGTTGAT	GACCATGTCA	ATTTTCATCTG	CACCATTTTG	AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA	ATGCTTTTCGT	CGCAGTTGTC	GATGCACCTA	ATGGGAATCC	TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA	CCTCTGAATC	AGCTAGTCGC	TCTGCTGCAT	ATTTAACATG	CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG	ATTTAAATG	GTATGCTTTC	GCTTCATCGA	TGATTTGATC	GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT	CAGGCTTCAA	TAAAGTGTGA	TCAATCAATT	TTGCACTATT	CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT	ATGGTTGATT	ATAAAAATAC	GGTTGTAAAT	TAGTTGATTG	AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT	ATCAGGTTAG	ATGTTTCGCTT	TTTATGTAAC	CGCATACATA	TACTATTACA	3900
15	TTAATTCATT	TCCCATAAAC	AAACAATACA	ATTGAACGTG	ATATCTTCAT	TATGAACGAT	3960
	GACTTGACAA	CAAGCTAATC	AGGATTATAT	TTTTATAATT	CTTTAATTCT	ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAA	AAAGGGAAAC	AAATGTTATC	TTAAAATTAT	TAATGAATAT	TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG	ACAAAAGGTA	CACCACATAT	TCAACCAAAT	GGAGTAAAAA	TTGCTAAAAC	4140
	AGTATTAATG	CCTGGCGATC	CGCTACGTGC	AAAATATATT	GCTGATAATT	TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA	TTTAACGATG	TACGTAACAT	GTTTGTTTAC	ACTGGTACAT	ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT	GTAATGGGTT	CTGGTATGGG	TATTCCAAGT	ATTGGTATTT	ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC	TTCTTTGATG	TAGATACAAT	CATTCGTATC	GGTTCTTGTG	GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT	AACCTTATACG	ATGTTATTAT	TGCACAAGCT	GCATCAACTA	ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA	TACAATATTC	CAGGTCATTT	CGCGCCTATC	GCTGACTTCG	AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA	AATGTCGCTG	ACCAAATCGG	TGCTACTACA	CACGTAGGTA	ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA	TTTTACAATG	CCGATCCAAC	ATTCAATGAT	GCTTGAAAAA	AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC	GAAATGGAAT	CAGCTGGTTT	ATATTTAAAT	GCGATTTCATG	CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT	ATTTTCACAG	TAAGTGATCA	TATTTTACGT	GACGAAGCTA	CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA	AATTCATTTA	CACAAATGAT	GGAAATCGCT	TTAGAAATCG	CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT	GACTTTAATT	GCTCTTTAAC	AATGCGATTA	AACTCAAAAA	GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA	TCCCCATTTA	TGTGTTGGCT	TTTATTTATA	TTATTACTTA	TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA	AGATTTAAAC	ATCCAATTAT	GTTTATCTAC	TGATGTTTGC	ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC	TGATACATCA	TCGCCAGCAT	TACCAGCAAT	TTGATTGCG	TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT	ATTTGTGAAG	TCTTGTGATA	ATTCTTCAAC	CATTGTGTTCT	GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC	TTCTTTAACA	ATTGATTGCT	CTAAGCATTG	AGTTAATGTA	CCTACAGGGT	5160
	TTCTCCTAC	CGCTAAAATT	CTTTCAGCTA	ATTCGTCTAC	ATATTGGCTT	GCTTCATTAT	5220

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CACACACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAACATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTIACIT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTC TGACATTTAT ATATGCACIT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAACT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAaATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
50	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
55	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

EP 0 786 519 A2

	CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACGTTGG AAGTGTAAGT	1500
5	GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC TGAACACAGT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT	1620
10	TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGACTA	1680
	CTGTACCATC AGTTAATGAG TAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTGTGTAACC	1800
15	AGCTTGCGTC TTTCGCATGA CCACTAGCTG TCGCTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT	1860
	TAGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTGA TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT	1980
20	GATTAATATG CTGTTGGCTT TGAATCGCTG TGTAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA TGTTTGCCG CTTCATTGG CATTTCATT TTTTGATAA CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGGG	2280
30	TGTTTGTCGT TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AATCCATCGT	2340
	TGCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAA TTAACTGTA CTGCACATAC TAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT TTTCCTACTA TTAAATATTC CCGAAATGTT TTAATAACT CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA TTTTCAAAAT TAACAATAA TCGTTCGTC ATGTTGCGGA TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAA TTCCATTATC AATCGCTATT	2700
	GATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTAAAAATC GTCATATCTT	2760
	TTCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT	2820
45	TAATATATAA CGTTCCTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG	2940
	CATTCATTAA ATCCATTTCT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTGTCTTTC ATAAATGCCA	3000
50	TTCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT	3060
	TGCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA	3120

55

EP 0 786 519 A2

	CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA TGAACATAA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGtCAT	3480
10	TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC TGTGCTGCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCACGTCTG	3600
15	GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA	3660
	AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTTCACCTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA TGTGTCTGTC ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTAAATTT ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA	4140
30	GGACAACCTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTCGCATC TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCCGA TGGCAAACGA ATTCATCAT TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAGTAAG TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTGTTA GTACATTTTC AATCATTTGT	4620
45	CTGAGCATTT TTATCaTCac TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC	4740
50	TTTGTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC	4800
	CTTGGTTTAt CAgcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC	4920

55

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAAATAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCAACAA	5640
	TTTCATTAAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAAGT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTGAAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAACA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC	6180
	TTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACCTAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC	6300
	TTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAAAT AATAATCTCT TCTTCTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAGAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

EP 0 786 519 A2

	TGGTGTATCA GTTACAACGTG TGTCACATAT TTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACTCGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAAC TA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTAA	7860
	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
35	ACGATGGCAC TGGTAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTGAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACCT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACCTAGCTC ACCCATTAATA TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCTG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGtGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAAC TCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
	CAACATTGCT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

55

EP 0 786 519 A2

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620
 TATTATCTA GTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740
 ACAAGCGAAT GCTGTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800
 15 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860
 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040
 TGGTCCAATG AGTTTAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAGA 11220
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340
 30 TTTGGTTAAA GACTTTTATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400
 TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTCmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrMAaTt 11460
 35 TAwTcT 11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60
 ATTTGTATTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120
 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

EP 0 786 519 A2

	AAGTATTACA	TCTAAAAGGT	ATCACAGAAG	AACAACGTAA	CCAATACATC	AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC	AGAACGTGCA	CAAGAAGTAT	TCTCTGAATC	ACTTAAAGAC	AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG	TGTTGCACAA	CAAAACGCTT	TTTACAATGT	TCTTAAAAAT	GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA	AAAAAATAAT	TACATTGCAC	AAATTAAAGA	AAACCCTGAT	AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT	AGAATCAGTA	CAATCTTCTA	AAGCTAAAGA	ACGTCAAAAT	ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC	AATTAAAGAT	TTCCAAGATA	ACAAAGCACC	ACACGATAAA	TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA	CTCAAAATTA	CnTAAAGATT	TACGTGATAA	AAACAACCGC	TTGTAGAAA	720
	AAGTTTCAAT	TGAAAArGCA	ATCGTTCGTC	ATGATGAGCG	TGTGAAATCA	GCAAATGATG	780
15	CAATCTCAAA	ATTAAATGAA	AAAGATTCAA	TTGAAAACAG	ACGTTTAGCA	CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC	ACCTATGGAT	GTAAAAGAGC	ATTTACAGAA	ACAATTAGAC	GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA	TGCTGAAAAG	AAAGTGGCGC	CAAAAGTTGA	GGCTCCTCAA	ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA	AAAACCTAAA	GTAGAATCAC	CAAAAGTTGA	AGTCCCTCAA	ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA	GGTTCCTCAA	TCTAAATTAT	TAGGTTACTA	CCAATCATTa	AAAGATTTCAT	1080
25	TTAACTATGG	TTACAAGTAT	TTAACAGATA	CTTATAAAAG	CTATAAAGAs	AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA	CTACTATAAT	ACGTACTATA	AATACCAAGG	TGCGATTGAT	CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT	AGGTAGTGGT	TCTAAATCTT	ACATCCAACC	ATTGAAAGTT	GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT	AGCTAAATCA	TATGCACAAG	TAAGAAACTA	TGTAAC TGAG	TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT	ATTATATACT	TTCTACCAA	ACCCAACATT	AGTAAAAACA	GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC	TGCATCATCA	ATCAAAAATA	CATTAAAGTAA	TTTATTATCA	TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA	AAATATCTTC	TCTAGTTTTA	CATCATTTTT	TAAATAATTT	TCGTAACAAA	1500
	COGTGATTAA	AAAGAACCGT	TGATTCTCAA	TCGAATCTAC	GGTTCITTTT	TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT	GCTTCTTCGC	TATTTGTCAG	CCCACITTTT	TACCTGCAAC	TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT	CGTTAACGAA	TAGTTCATCA	TTTAGTTGAA	TCAGCTCAAC	TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC	ACAAACTATT	GCGCAATCCA	TTCTTTTCC	ACTACAAGCA	CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC	AATAAAATAA	GACTTGCAAA	GCATAGTTAT	GTAGCTATAT	AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA	TCTTTTAAAC	ATAACATAAT	GCAAAAACAT	CATTTAACAA	TGCTAAAAAT	1860
	GTCTCTTCAA	TACATGTTGA	TAGTAATTAA	CTTTTAAACGA	ACAGTTAATT	CGAAAACGCT	1920
50	TACAAATGGA	TTATTATATA	TATGAACTTA	AAATTAAATA	GAAAGAAAGT	GATTTCTATG	1980
	ATTAAAAAtA	AAATATTAAC	AGCAACTTTA	GCAGTTGGTT	TAATAGCCCC	TTTAGCCAAT	2040

55

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160
 GGATTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAAACGGTA AAGTATTACA 240
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420
 AATTGAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540
 TGACAAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660
 TGTAGGAGTA CAAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140
 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAAa TA-TATGCAA gCAAACGTTA 1500
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1799 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

20 GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60
 TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATT 540
 35 AGGTCATTTC CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660
 CATTGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTTCGAAG ATGTAGCTCA 720
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900
 45 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080
 TTAATTAAAT ACCTTTTCAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

EP 0 786 519 A2

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCTG CCATTAAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACTT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620
 CACTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180
 35 TTIAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300
 CCACGTAGTA AGTTTTTATT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480
 45 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540
 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCACG AATACCCAtC AAGTTaGCTG 1020
 GGTGTGaaG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTTCAACC TCATCAGTAA 1080
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260
 15 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTAATAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320
 CAGGCATTCT AATTAAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1529 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG 60
 30 AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300
 TATGACGACG GAgtATTTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360
 40 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA 420
 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540
 45 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600
 ACATTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720
 50 TAAAACAGCA TTAAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTtag GAATGATTAC 780
 TCGGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAA TTTAGAATTG CATTAAAGAGA 960
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTTAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTC AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440
 TATCTTTTAA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500
 20 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCTAAT 60
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT 240
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360
 GCGGTGCGAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420
 45 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480
 TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATA TTTGAACTT 540
 GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC 600
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA 660
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTT GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAAGTGTAA CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTTAGTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTT TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACCT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
20	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATTCCTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATaNa ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CThACTA	1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 616 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGkTGTA CTCATTtTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTC TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

EP 0 786 519 A2

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG TTGCACaATA GAAATGaTGT 600
 TCACtGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 944 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACCTTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180
 GTGACATTAG AAATGGGCGg TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TFACTTAACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTTGGTC CTATCTTACC GATTTTAACG 600
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTTGGC 720
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTCGACAC TTTTACACAT 840
 GAAAAAAGCT ACATTTTCAA ATChACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTAAAG	60
10	TTTGTTTCAA CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTAAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCACCTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGGAAATGIAT	300
	ACAATGGTCC CCGGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTG CTAAATGCCG TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTTGGTA TAAACTGATC TTTTTCATTT AAACATACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATATAGT ATAAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
30	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTGCA AAACCTTAGA GCGTTTGGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGtCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAATTCCG	1560

55

EP 0 786 519 A2

ACGGCGTCTG ATTTAACCTT CTCTTTTGGC TTTCCGGTTAC ACCATTAGTA ACAATATATA 1680
 AATCATGTCT TTTGATAAT TCGACAATTG TTTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT 1740
 5 TAGCTTCTGC TAATCCATTT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATTT 1800
 GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT 1860
 TTTGktGAAA AGCTTCCCAA TGTGTTGgAT TgaTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy 1920
 10 TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTGCGCA TATAGTGAAn CGCCCATTTCT TCTGcATCAT 1980
 AAAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGTCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA 2040
 TCTCCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTTCTG CAAATAAAAT 2100
 15 AAAGTGAAGT CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT 2160
 TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCCACACC GTTAGCAACG ATGTCTACGA 2220
 TACTTGTGCC TAATTTTACA CTATCATGTT GTTGTGCAGC TTGCACAGTA TTTGCGATTG 2280
 20 CTTCTGCTAG TCCAGTCATT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA 2340
 CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC 2400
 25 GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCATTA TTAATTGCTG CAGTTACGGT 2460
 ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAATT TAAATTTGAA 2520
 GATAACAAAA ACGTGCgTAg yTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTTGTT 2580
 30 GTTGTtATTT TAAAATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGTtT ATCCGCACAA CATCTTATAA 2640
 TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAA ACTGTATTTA 2700
 ACACAATTAA GTTGCCGTAA TTCGTATTTA AGTCTTATTG AACCTTTTTA GATAAATAGC 2760
 35 TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA 2820
 TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTtAAA CGTGTcCTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA 2880
 ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT 2940
 40 TTATACGCAT TACCAAACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTTG TTTTGAATTT 3000
 CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAAAAC GTCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA 3060
 ATTAAAACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG 3120
 45 AACTTGTtT ATACATTTTT AATTAAGTAA TTTTGTGCTC AAATTTcATC TATACTGCAC 3180
 CTGAACTACA CCAACACTAC ACCAAGATTT TTAACACTCA CCATTTGCAT GCGTAGAGAT 3240
 50 TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTc AAAATTTTAg GGACTTTTCA 3300
 GGGGCCCCGAA ATCCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG 3360

55

	ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT	3480
	CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA	3540
5	TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC	3600
	CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTCCACA TATTCCAATA	3660
	TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT	3720
10	GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAAAT	3780
	GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAATCAT	3840
	GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG	3900
15	TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCGGAATCT TTGCTTTCTT	3960
	GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT	4020
	AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC	4080
20	TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT	4140
	TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAATATTT	4200
25	AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTA TTGGTATTGn	4260
	TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT	4320
	ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT	4380
30	TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy	4440
	CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCCTAA GCGGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT	4500
	ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA	4560
35	ACCTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT	4620
	AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGTkTCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA	4680
	AGTGTtATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT	4740
40	AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA	4800
	ATTAACACGT ATATTTAATA	4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATTTGGATCT	TTAATATCAC	CAATATTTTT	AATATCTTCC	GGATTCAATC	CATATACTTG	60
	TACTGTATCT	GAGTATTTAA	TTGTGAAATA	ATCACCTGAT	TTAACTTTGT	CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT	TTTAATGATA	AATAATCTTG	GGCTGGTACG	ATTTTATTGT	TTTATCTGC	180
	ATCAACGACA	GTTAATGTTG	TATTTGATGT	GATTAAATCA	TTAACATTTT	TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC	TGTACTGCTG	CTATACGCAT	TCTTGTATTG	AAACGTTTAG	GTGCTGTACT	300
10	TTTGGCAAA	ATGATATCTG	CATTATTTTC	ATTATTTGAA	TTACTATTGT	TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA	TTACTCTTGA	TAGCATCACT	TTTAACATTT	AATGTAGTTG	ATTCAGTTTT	420
15	GGCATCTACC	TTTTGTTTTT	CCTCATTAGT	TGTTTGAACA	TTTACCACTG	ATTTATTCTC	480
	TTGCAAATCA	GGTTGTAACG	CTTCTTGATT	ACTTATAGTT	TGTTTAGTGT	TTAAATCTTC	540
	ATTCGTAGAT	TTGGGTGAAG	CTTGCTCATC	TGATTTGGCA	GTTGAAACTT	CAACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA	GATTGTACAC	TTTCTTTTTT	TATTAATTTA	TTCCCATTTG	AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGA	GATGATACCA	TTTCTTTTTG	ATTATCATTT	TTAGTATTGT	CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC	ATATCAACTT	TATCACTCGA	TTGATTATCA	CTTGCTGAAG	TTGTCGCTCG	780
25	TTCAATTCTT	TATTAGTACT	TTCTGCAGCC	TTTGCTTCTT	GGTTCCCCAG	ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC	CTACTAAAT	TGATGCTGTT	CCCACTGTGT	ACTTTCTAAT	CGAAAATTTA	900
	TTTAATCGAT	TGGATACCAT	GCCTTTCCTT	GTTATTGCCG	TTTTATTTTC	TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC	TCCTAATTCA	TCAAATTTTT	AAATAATACA	ATTGTTTTAA	ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT	ATAGTATTAC	ATTTTTAGAT	AAAGCACAAT	ACTTTAATTA	TTTTTCTTTA	1080
	TCGTAAAACG	TTATTTAACA	TTTGTGTTTA	AATAAAAGTT	TTTATGAGT	TTGTAATCTT	1140
35	TATTTAATCA	TCATAAAAAA	TAGTATTATT	TGCCCTTGAA	ATTAATATCT	TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA	CAATTACATT	TCTGTAACAA	ATTAAATTGT	ATCTATTCCT	TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA	TCTGGGAATT	TCTAAACAGA	AAAAACCAGG	CCACATGGAC	CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT	ATTTATTTTG	TTTTTTACGA	CGACCGAATA	ACAATAATGA	TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC	CACCGAATAA	TGTGCCATTA	TTTGAATTAT	TATTTTCACT	ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT	TAGCTGTTTT	ATGCTGATCT	TTAACCGTAC	TCATTGGTTT	AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG	CATCTGAATC	TGAATCGCTA	TCTGAATCTG	AGTCGTTGTC	TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG	AATCTGAGTC	GCTGTCTGAA	TCTGAATCGC	TATCCGAGTC	TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG	AGTCGCTATC	TGAATCTGAA	TCGCTGTCTG	AGTCTGAATC	GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC	TGTCCGAATC	TGAGTCGCTA	TCTGAATCTG	AATCGCTATC	TGAATCTGAG	1740

55

	TCTGAATCTG	AGTCGCTGTC	TGAATCTGAA	TCAGTGTCTG	AGTCTGAGTC	GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC	TGTCAGAATC	TGAGTCGCTA	TCTGAGTCTG	AATCTGAATC	ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC	TATCTGAATC	TGAATCGCTA	TCTGAGTCTG	AGTCGCTATC	CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG	AGTCTGAGTC	GCTATCCGAG	TCTGAATCGC	TGTCTGAGTC	TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG	AATCGCTATC	TGAGTCTGAG	TCGCTGTCTG	AATCGCTGTC	TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG	AATCTGAGTC	GCTATCTGAG	TCTGAATCGC	TGTCAGAATC	TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT	CTTCTTCGTA	GTAGCCATTA	TCAAGTGTGA	AATCATCATG	ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA	CTTCGCCACC	ATCGGCATCT	TTATCATCTT	CAGTTGTATT	TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC	CAGCAGGTTT	TTCAAAGATA	ACTTTGTATT	TACCACTATC	TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT	TACCATTTTC	ATCTGTYTCA	GTTGTACCAA	TTACTTCGCC	TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA	CTTTAACACC	TTTAATTCCT	TTTTCAGTCG	AATCTTGTTT	ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCTG	ACCAAACATA	ATCACCTAAA	CTATATTTTG	GTGTTTTGTA	GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA	TGTTGTCAGC	GTCTTTAATG	ACACCTGTTG	TAGTTAGTCC	ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT	CTGTACCTAC	ATTGTCAGTT	GTCGGTGTAT	AACCGGCTGG	TGTTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT	AAGTTCCATT	GCTTAAACCA	GTGAAGTGAT	ATTTACCATT	TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT	CTAATTCTTT	ACCGTTACTA	TCTTTAAGAA	TGACATAAAC	ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTTCAT	TGGCATCTTG	TTTACCATCT	TTATTTGTAT	CTTCCCATAC	ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT	TCTTTTGGTC	GCCATTAGCA	GTTGATGAGC	CATTCACATT	TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC	TATATTTAGT	TTTGTCAGTG	TCTAAAGTAT	AATCAATTTT	TCCATTATCT	2940
	GTTGAACTAT	TATCTGGATA	AGCAACTTGT	TGAATGATGT	ATTGTTTATT	GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA	TTAAATCGAC	TGTAGCTGTT	TTATTATCAT	TACTATAAAT	AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA	CATCTTTAAG	TTTGAAAGTA	TCAGGGGTGA	AACTATCCAC	AAATTGATTT	3120
	TGATCTGtCA	CTtCGTAAAT	TTTGAAGTTT	TTTGCAATTG	GATTAAATTT	ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA	CAAACGTTTG	TTTAGTATAT	GTATTTTATG	GTTGATTTAC	ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG	ATAAATCTTC	ATTGTTAATA	TAGTTTGTAC	TTGAAATAAG	CGTTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC	CATAATCGAC	AATGATTTCT	TCGCTATATG	TATCATTACC	TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT	AAGCTGTTTT	ATCAGTTGTT	GCATTTTATC	GTTTCGCAAA	TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC	CTCTAACATT	TGTATATTGA	TCTACATAGT	TCGTAAAAGT	ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG	TACTATCATA	AATACCTTTT	GCAATAATAT	TACCTTGGGC	ATTATATAAA	3540

55

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA 3660
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAAC ATGTCCTTTA 3720
 5 TCAATCGCAA TGTCATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTAAAGTTC TTGGTTTAAAT AGTCGTTGTT 3840
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACTATCA 4020
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGGC TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140
 TTTAATTCTC CATTGCTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTTG 4260
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCAITTA 4320
 TAATACTCCT TTAATAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60
 TCTTGATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AAATAATAT 120
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

55

EP 0 786 519 A2

AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTT TAG ATTGGATCCG 840
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960
 10 TAACGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCAtTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1262 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTTACTAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120
 AGATGATTGT AGTGTTCTGT CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240
 CTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660
 45 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720
 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGGACGT 840
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

	TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT	1080
	TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT	1140
5	TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT	1200
	CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTnAATTGGT CCCATTTGCG GTTCnGGTTA	1260
	CA	1262

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1142 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

20	CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC	60
	TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT	120
25	CTTCTTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTCGCGA TGATTTTGT	180
	TTCAATTTGA CTCCACACA CTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG	240
	CATCTCACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGTAC CGCCATATTT	300
30	AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAACC ATTTCTTGT GTTGGTGTGT	360
	TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACACGCTT CACATGCGTA	420
	AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT	480
35	CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAGG	540
	TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTC	600
	TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC	660
40	ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA	720
	ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG	780
45	AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT	840
	TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC	900
	GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT	960
50	TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTCTCGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACT CACTTTATTT	1020
	TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA	1080

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1814 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

5	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTAA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
10	TTCAATGCGCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTGG	120
15	GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
25	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
30	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
35	TTAGCAsymy CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
40	TCCCCITTTT TTCTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
45	GATTCAAAAC CGTTTTTCAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
50	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
55	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
60	TGCTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
65	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
70	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
75	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
80	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
85	AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
90	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTAATTACTT CATTAAACGTT TTGTAATAAA	1080
95	TGCGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAT TAAGTAATTT	1140
100	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
105	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
110	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500
 5 ATTCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTC TGCATCTCT GCTGTAATT CTCTTTTAGC 1560
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATT AGCATACCT GTTTAACATA 1620
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAACCTCATC 1740
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTAGATT ATTACCTCC TTTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGTTTATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120
 30 TCTTATATGT TTCTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360
 ACTTGGATTA CTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAAA ATACGCAAAA 420
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTT TAATACCAAC 660
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5	ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA	60
	CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC	120
	AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT	180
10	CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA	240
	TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG	300
	TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA	360
15	GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC	420
	TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA	480
20	ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT	540
	TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA	600
	AGAAGAGTTC GGTTCAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTcATCTA	660
25	TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG	720
	TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAAC TGTTGATTAT TCTAAAGCCC	780
	ACAATGAACC TTCTTGgATG ACAGAATTAC GTAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAAACTT	840
30	TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC	900
	AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG	960
	AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT	1020
35	ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG	1080
	CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG	1140
40	ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG	1200
	TTCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA	1260
	ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTA CTGAAGA	1300

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACTTTATG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
15	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCACT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC 1860
 AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG 1920
 5 CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG 1980
 AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA 2040
 TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA 2100
 10 TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG 2160
 GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT 2220
 TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT 2280
 15 GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA 2340
 GGTATGGCTT TAGATAAATT TTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG 2400
 20 GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACTTTATT 2460
 TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC 2520
 GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA 2580
 25 GGAGCTATAT ATATCGCAA TTATTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA 2640
 CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT 2700
 TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA 2760
 30 CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA 2820
 CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT 2880
 ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA 2940
 35 GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA 3000
 ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA 3060
 40 ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA 3120
 TCATGCCATT CTGAA 3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1209 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG 120
 TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAGC ATAAAAGTGT 180
 5 TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGC GTTACCG TTGCAACACT 240
 AAAATAAAATT ATAATTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG 300
 AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG 360
 10 AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA 420
 TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC 480
 TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG 540
 15 AATTAGCAGC TGACTATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAA ATTAGATGTT GATGAAAATC 600
 CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG 660
 GTCAACCACTG TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAACCTTAGCT GAAGTTTTAG 720
 20 ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA 780
 GTTTTTGTTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC 840
 25 TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG 900
 ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC 960
 ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAC TAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCAC TTTTGT 1020
 30 AGCATCATTC ATTTTAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGG GAAGACTATA AGCAACGAAT 1080
 TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA 1140
 TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT 1200
 35 TCACGGGTG 1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2410 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC 60
 50 TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT 120
 AACGTATCAT CACCCGCAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTTCCT 180

EP 0 786 519 A2

	GCATCTTCAA CTTCAAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTtACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT tCTGGCTCTT tATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
10	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
	TGTGGTGTAT CTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTIA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
15	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTTGCC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAAATAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTc CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTTGAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTcAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
35	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCCTGCGA TGCTAAAACA	1380
	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTTGGTAAG TGACTGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTCC	1500
40	GAAATAATGT TATATTTTTc AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTA CT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980

55

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTATAT TTTTGGTCAT 2220
 ATTACTkTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280
 TyCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAAA TGGGGGACAG 2340
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 590 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCCT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAATCTAC CGCATtAaTG 240
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTTGTA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAC TATCTATTGT TACCATTAAT 420
 ATCTCATTTT TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480
 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540
 40 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 905 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

TATTCGATTT GAnTCCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180
 5 TTCATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240
 TATATCATGC ATCACaACTA AAATCCcTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG 300
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAACTGTT CATAATACGC 480
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTTCG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600
 GCGTCGTGCT AAATCATTTG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660
 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTGC CAACAATTGT GTTGCATAAG TAACCTCTTG 720
 20 AATGGGACCG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTCTCG TAATATCGTT 840
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1016 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240
 AAGATTTGaT AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAAATGTC TTAATATGGT 420
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGCGGGT 480

55

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGCTGCTA 720
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA 780
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCAATTGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA 900
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTCGAt TTaCtAATTG GTATGctTGt 960
 15 tATATTTAWT GCACyTCmAA TTAGAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTAAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60
 ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCTAA TAACTGTGTT GTTGACATAAT ATCATTTCACA AGTACACCAT 180
 TTTCCGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACCTT 60
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

	AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG	240
	TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC	300
5	AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT	360
	TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT	420
	AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG	480
10	TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA	540
	ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA	600
15	CTGCACATAG CTTTTAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA	660
	ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT	720
	AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA	780
20	TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT	840
	GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT	900
	aATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc	960
25	GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTTAA AGAGTGATAA	1020
	ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAgAG	1080
	AAGCAGCTGT TCGCagTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT	1140
30	AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AACTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT	1200
	TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT	1260
	AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA	1320
35	TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA	1378

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|-----------------------------|
| 40 | (A) LENGTH: 4171 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

	TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA	60
50	TCGTTTAATC ATACATCCCC CTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG	120
	AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATTCTTC TTACAATTTA CATTTTTAAA	180

	TTATATTCTA TTCAATTTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAACA AATGGTGATG ACAAATGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
15	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTAAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTAACA ATTGCCGGTT	720
	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTCTGA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAATCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATGTC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTTAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAACCTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTA CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

EP 0 786 519 A2

	GCTTGaCTCA	AAACTTCCAC	AGTTGGAAAT	CGTTCAACAA	AACGATGATA	ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA	CTTGTGTCTG	TTGTAACATG	ACCTCACTTA	ACCAAATATA	GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC	GCCATGGCAT	TTCTCTTTGA	TTTTCATCAA	ACCAGTGTAT	CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG	ACTGCTGATA	CATTTATAAA	ACCCTTTCCT	CACCAAAATT	AATTGTCPTT	2280
	ACTCATAATG	TTTTTATTGT	ACATTAAAAT	CATGGTTAGT	ATGTAAGTTA	ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAAT	GGATTATAAT	AGTATATATA	ATATTATGAA	ATGAGTGAAC	TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC	ATATCGCAAT	TGGGGTGGGC	CTTACAGCAC	TTGCAACTCA	AGATCCAGCA	2460
	ATGGCTTCTA	CGTTTGGTGC	AACAGCTACA	ACCCTTATCG	TTGGTTCATT	AATTCCTGAT	2520
15	GGGGATACTG	TTCTTAAAT	AAAGGACAAT	GCAACATATA	TTTCGCATCA	TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA	TCCCTTTCAC	AATACTATGG	CCAATTTTAA	TTACATTTTT	AATATTCACG	2640
	TTCTTTAGTG	GAACCAACCC	ATTTCATGTA	TGGATGTGGG	CTCAGCTCGC	AGTATTTTTA	2700
20	CATGTCCTTG	TAGATATATT	CAATTCTTAT	GGTACACAAG	CGCTTAGACC	TATCACAAC	2760
	AAATGGATT	AATTAAGTGT	GATTAACACA	TTTGACCCTA	TTATTTTCAC	AGTTCCTTGT	2820
25	ATTGGTATTG	TATTATGGGT	TATAGGCTTG	CATCCATTG	CAGTCTTCTT	TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA	TCATTTATTA	CATGATTCGT	TTTAAAATGA	GAGCCGTAAT	TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG	CAATTCAACA	AGAGCATCAC	CCTGTAAAG	TATTGTTG	GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG	AATGGCGTGT	CGCGATACAA	ACTGATGCAC	ATGACTATGT	TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA	ATGTGGTGTT	TAGTGATAAA	GTGGAACGTC	AAACATTATC	AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA	AAGTCAAAGG	TAATAAAGAT	ATACGTACTT	TTTTAAACTT	TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC	AAACAACAAC	GTTAGCAGAT	GGTTCTACTG	AAATTCGTTT	GATTGATTG	3240
	CGTTATTTAA	AAAATGATCA	TTATTCATTT	GTGGCAATTG	CACATGTAAC	AAACGATAAT	3300
	GTCATAGACC	ACTCTTATAT	TGGCTGGGTA	TTTACAGAAG	ATAAGTTACA	ACGTAAACTG	3360
40	TATGCTAAAT	AATTTCAAGT	TATTATTCAC	TAAAGTTAAT	CTATAAAAAA	TGAACAACCG	3420
	GGCAGATGA	AAATCAAAAC	GATTTTTACT	CTGTCCGGTT	TTTTAATGTA	AAACTATGAA	3480
	TGCTTTTACA	AAATCTAAAA	TTTATATTGT	TGCTAACAAA	CTACCTTTAA	TGACTCGAAA	3540
45	TATCAAAATC	AGTATAGGAA	AACAATATCT	AGATGATATT	CTAATTGTTT	CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT	TACACAACAG	GTCAGCTAAA	CATCATGAAG	AAGTATCCGC	CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG	AAACATCCTG	TTGATTATCa	GTTTGTGTCA	CTTTAGATGT	TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG	TCGTATACCT	TGCTAATACG	AAATTTACTG	CAGCTATTAA	ACATAAGAAT	3780

55

TGTGCTATAC CATTAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAAA AGTAACGGAT 4020
 ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140
 10 CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATag GGGCTTTCAA 60
 25 AATAATCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180
 TACAACTTAT CCAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300
 ACCAGAAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTCAAGT ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660
 AACAAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720
 45 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780
 TTTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTAT 840
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTGTGTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
10	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAAAATCA	1560
	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTaaAGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACTAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCtLACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAACATA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTCGC AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
	CGAGTGcAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAgcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTTCGG TTTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTTAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GCGCTTTTGG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAAGCTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAA GAAATAAAAA GGAACTCGAA AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTACA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620

55

EP 0 786 519 A2

GTTGGTGGTC TAACTTTAGA GAAGACCAAA AGAAGAAAAG TGATAAATAC GCTAAAGAAC 4740
 AAGAAGAAAC AGCTCGTAGA AACAGAGAAA ATATAAAGAA ATGGTTTGA AATGCTTGGG 4800
 5 ACGGCGTAAA AACTAAAACCT GGTGAAGCCT TTAGTAAAAT GGGCAGAAAT GCTAATCATT 4860
 TTGGCGGCGA AATGAAAAAA ATGTGGAGTG GAATCAAAGG AATTCCAAGC AAATTAAGTT 4920
 CAAGTTGGAG CTCAGCCAAA AGTTCGTAG GATATCACAC TAAGGCTATA GCTAATAGTA 4980
 10 CTGGTAAATG GTTTGGAAAA GCTTGGCAAT CTGTTAAATC GACTACAGGA AGTATTTACA 5040
 ATCAAATAA GCAAAAGTAT TCAGATGCCT CAGATAAAGC TTGGGCGCAT TCAAAATCTA 5100
 TTTGGAGAGG CACATCAAAA TGGTTTAGCA ACGCATATAA AAGTGCAAAG GGTGGCTAA 5160
 15 TAGATATGGC TAATAAATCG CGCTCGAAAT GGGATAATAT TTCTAGTACA GCATGGTCGA 5220
 ATGCAAAATC CGTTTGGAAA GGAACATCGA AATGGTTTAG TAACTCATAC AAATCTTTAA 5280
 AAGGTTGGAC TGGGGATATG TATTCAAGAG CCCACGATCG TTTTGATGCA ATTTCAAGTT 5340
 20 CGGCATGGTC TAACGCTAAA TCAGTATTTA ATGGTTTTAG AAAATGGCTA TCAAAAACAT 5400
 ATGATTGGAT TAGAGATATT GGTAAAGACA TGGGAAGAGC TGCGGCTGAT TTAGGTAAAA 5460
 ATGTTGCTAA TAAAGCTATT GCGGTTTGA ATAGCATGAT TGGCGGTATT AATAAAATAT 5520
 25 CTAAAGCCAT TACTGATAAA AATCTCATCA AGCCAATACC TACATTGTCT ACTGGTACTT 5580
 TAGCAGGAAA GGGTGTAGCT ACCGATAATT CAGGAGCATT AACGCAACCG ACATTTGCTG 5640
 30 TATTAAATGA TAGAGGTTCT GGAAACGCCC CAGGTGGTGG AGTTCAAGAA ATAATTCACA 5700
 GGGCTGACGG AACATTCCAT GCACCCCAAG GACGAGATGT GGTGTTCCA CTAGGACTTG 5760
 GAGATAGTGT AATAAATGCC AATGACACTC TGAAGTTACA GCGGATGGGT GTTTTGCCAA 5820
 35 AATTCCATGG TGGTACGAAA AAGAAAAAAT GGATGGAACA AGTTACTGAA AATCTTGGTA 5880
 AAAAAGCAGG GGACTTCGGT TCTAAAGCTA AAAACACAGC TCATAATATC AAAAAAGGTG 5940
 CAGAAGAAAT GGTGAAGCG GCAGGCGATA AAATCAAAGA TGGTGCATCT TGGTTAGGCG 6000
 40 ATAAATCGG CGATGTGTGG GATTATGTAC AACATCCAGG GAACTAGTA AATAAAGTAA 6060
 TGTGAGTTT AAATATTAAT TTTGGAGGCG GACTAACGCT ACAGTAAAAA TTGCTAAAGG 6120
 CGCGTACTCA TTGCTCAAAA AGAAATTAGT AGACAAAGTA AAATCGTGGT TTGAAGATTT 6180
 45 TGGTGGCGGA GCGATGGAA GCTATCTATT TGACCATCCA ATTTGGCAAA GGTTTGGGAG 6240
 TTACACAGGT GGACTTAACT TTAATGGCGG TCGTCACTAT GGTATCGACT TTGGTATGCC 6300
 50 TACAGGAACG AACATTTATG CTGTTAAAGG CGGTATAGCT GATAAAGTAT GGAATGATTA 6360
 CGGTGGCGGT AATTCTATAC AAATTAAGAC CGGTGCTAAC GAATGGAAT GGTATATGCA 6420

55

EP 0 786 519 A2

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
15	AGCGTTCCTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAC TGAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACCTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAAC TATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTTTGGCTA TGATGGTATA	7560
35	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCCTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAATTA ATTTAAATGC GAGTGAGGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTT TAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

	ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAAGT ACTCATAATA	8340
	GTTTTGTTTT TGATTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA	8400
5	CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT	8460
	ATCACATAAT GTATGAATTT CAAATCACT CAGTGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA	8520
	GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG	8580
10	CAAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA	8640
	TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT	8700
	TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT	8760
15	TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA	8820
	CTGTCACTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG	8880
20	AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA	8940
	TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT	9000
	GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT	9060
25	ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGTTTTTGCT AAGTCGGTTC	9120
	AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATAAaAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA	9180
	TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC	9240
30	CTTGTATGTA TGTTGGAAGT GAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG	9300
	GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA	9360
35	TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT	9420
	TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT	9480
	ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA	9540
40	CTGAATTAAA GGTGTGTTAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG	9600
	TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG	9660
	TTATTGCACA AGATAATAGA TATACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA	9720
45	GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC	9780
	AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGTACTTGA AAACGATAAA C	9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1017 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAATGGTC TTCTCGGTTA TTTAACCATC GGTTTCAATC CTACGTGCTT 60
 CACTTTCTAT CtATTAAATTC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC 360
 15 CAAATAGCC AGTTCAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480
 CTCATCATT TCACTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT 600
 TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTCA AATCCTATAA TGTGATGCGC 660
 25 TTTAAATAA TAAATATTTT GTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720
 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT 840
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900
 AGGCATACCT TCATTAACCT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG 960
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCAa TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6806 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA 60
 GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAATTTT ATATGCTGTG 120
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

EP 0 786 519 A2

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAACTGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTACTTGTA TACATTATCA TCAGCGATTT CAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTGTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
15	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAT	780
	AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAA	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCTTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTCAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCCGGC CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCCTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTTCAGGT AACATTCGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
20	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAAATTA ACCATGTTCT TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTAAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAAAACGC GTTGTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTACTT	3840

55

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTT TCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTTCTTTT TAATTTTCATT CAATTCCTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CwACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTGTC AACCACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTGA TTGATTCACT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCATTTCAT	4680
25	ATGGAATTTT AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTCATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGATAT ATCTGTCGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTCTT AGCTAGTAAG CTTAACCTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGACTT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTTCATCTT	5640

55

EP 0 786 519 A2

	AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTT	5760
	TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT	5820
5	ACCTTTTTCC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG	5880
	CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT	5940
	ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT	6000
10	ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTTT TAAAAATATC	6060
	TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGA	6120
	TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA	6180
15	TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC	6240
	TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT	6300
20	TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTCTTC	6360
	TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT	6420
	ACCCAATTTA GATTTTCGTTT GTCCTTCAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA	6480
25	CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT	6540
	AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAAACC	6600
	AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC	6660
30	TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA	6720
	AAATGTAGCC ACGTCATGCA AACTTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAACTCTTT	6780
	GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT	6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1716 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

45	GGGGCAnAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn	60
	TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA	120
50	TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT	180
	ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACCTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC	240

EP 0 786 519 A2

	CctTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA	360
	TTTTTAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT	420
5	TGTTTACTCA TTTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA	480
	GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTCTGTC ATCGTCTTTC	540
	ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT	600
10	AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA	660
	ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTGTGAAT CGCTTCTTCT	720
	TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT	780
15	TTGTACTCGT CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTT ATCTGTTAAT	840
	TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCTGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG	900
20	GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA	960
	ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTCTT	1020
	AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG	1080
25	TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTTCAGCT	1140
	AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACATCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT	1200
	TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAACT	1260
30	GTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT	1320
	GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG	1380
	TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC	1440
35	ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA	1500
	TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAAACC TTCGTTACCT	1560
	TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT	1620
40	TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT	1680
	TATATATTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAACCTA	1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 795 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCGC	60
	ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA	120
5	TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTACCC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG	180
	AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA	240
	TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TAAACGTTTGA	300
10	TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC	360
	GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT	420
	TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAAGC	480
15	GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT	540
	TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG	600
20	CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT	660
	ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA	720
	ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA	780
25	TATCTATGGT TTACC	795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 887 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

	CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA	60
	GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GAAATATTAT	120
40	GCAATCaTTG GTGmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA	180
	GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT	240
45	ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTGTCCA	300
	CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT	360
	GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTGCA GCTTGATAAT	420
50	GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT	480
	GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG	540

	GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC	660
	TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA	720
5	TGATGCTACC GAAGTGTA CT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC	780
	TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC	840
	AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA	887

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1183 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

20	TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TTnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAA	60
	ACnACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA	120
25	AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTT AACTGAAAAT	180
	AATAAAGTTG ATCATTTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT	240
	AAAAATGCAA AAGATATATC CATTAGAGT ACwATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA	300
30	AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT	360
	ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG	420
	GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTC AGAATGAATA	480
35	ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA	540
	ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC	600
	GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAATTCGC	660
40	AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT	720
	TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCCGC TAGTGA CTGG CATCAAATTG	780
45	AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT	840
	ATTTCAATTC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG	900
	ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT	960
50	CAAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAAAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA	1020
	TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG	1080

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAANAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTTCATATA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAGGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG AACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
TCATTACAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440
 GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680
 10 GGATCACTCT CTTCCTCCCW ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860
 15 AAAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG TATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920
 AACTTGAAAC AGATCCCAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100
 TATTAATGAA CTTGAAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160
 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220
 25 CTTATATCTC AACATAAAA TGAATTmym TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 865 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120
 45 ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180
 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240
 GATtGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAA AATCTTAATC 300
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360
 GATGGAAGTG TAAAACGTGA CGTGCACTT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600
 5 ATGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660
 CATGATCACG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTCTGA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780
 10 GTTCCATTG TTCAAATCT CTGTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1444 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180
 30 CGTAACGTTG ATTTCTGCCC ATATCACTCA GTGTAATTCG TTTGTTATAT GGTTTCATCAA 240
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAA AACTCATTC TTATAAATAT 360
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAACA 420
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAAT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTCTTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAATAA AAGAAGTTGA 840
 50 AAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900
 GCAGCAATAT ACATGTTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

EP 0 786 519 A2

	TATTGTGTCA	GTTTCAGACA	ATCACGATAT	TATTGCTAAT	TTGCCGAATC	AAACGTATGC	1080
	CAAATTATCT	AATTATGATG	AAGTAAGGGA	AATGAATCGC	CAAAATGTCG	ACGTTGAATC	1140
5	TGTAGAAATT	AATTTTCAAT	CAGCTAAATT	TGAAAATGGG	TTTACGTTGC	AAGATACACC	1200
	AGGTGTTGAT	TCAAATGTTG	CATCACATCA	GTCAATAACA	GAACAATATA	TGTATACAAG	1260
	TAATATGATA	TTTATACGG	TTGACTATAA	CCACGTTCAA	TCTGAACTTA	ACTTTAAGTT	1320
10	TATGAAGCAT	ATAAATGATG	TTGGaATACC	TGTTGTGTTT	ATCATTAAATC	AAATTGACAG	1380
	CATCCAAGAC	GATGGAATTG	TCATTCTCTA	CGTnTTAAAT	CTCGAGTTGG	AAAAATCAAT	1440
	TGGC						1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

	GCAGCAGCTT	ATCGTGAGTT	ATCATTATTA	TTACGTAGAC	CTCCAGGTCG	TGAACCATAC	60
	CCAGGTGACG	TATTCTACTT	ACATAGTAGA	tTATTAGAAA	GAGCAGCAAA	ATTAAACGAT	120
30	GACTTAGGTG	GCGGTTCAAT	TACTGCATTA	CCAATTATCG	AAACACAAGC	TGGTGATATT	180
	TCAGCTTATG	TACCAACAAA	CGTTATTTCA	ATTACAGATG	GACAAATCTT	CTTACAATCT	240
	GATTTATTCT	TCTCAGGTGT	AAGACCAGCG	ATTAATGCCG	GACAATCTGT	ATCTCGTGTT	300
35	GGTGATCTG	CACAAATTAA	AGCAATGAAG	AAAGTTGCTG	GTACGTTACG	TCTTGACTTA	360
	GCGTCATACA	GAGAACTTGA	ATCATTGCA	CAATTCGGTT	CAGACCTTGA	TGAATTTACT	420
	GCAAGTAAAT	TAGAACGTGG	TAAACGTACT	GTTGAAGTCT	TAAAACAAGA	TCAAAACAAA	480
40	CCATTACCAG	TCGAACACCA	AGTGTTGATT	ATTTATGCAT	TAACAAAAGG	ATATTTAGAT	540
	GATATTCCAG	TTGTAGATAT	CACACGTTTT	GAAGACGAGT	TAAACCACTG	GGCAGAATCA	600
	AATGCTACTG	AACTGTTAAA	TGAAATCAGA	GAAACTGGTG	GCTTACCAGA	TGCTGAGAAG	660
45	TTTGACACAG	CAATTAACGA	ATTCAAAAAA	AGCTTTAGCA	AATCTGAATA	ATAAACAAAGT	720
	TTAGTATAAG	GTGGTGAGAT	AGTGCTTCT	CTTAAAGAAA	TAGATACTCG	AATAAAATCA	780
50	ACCAAAAAAA	TGAAGCAGAT	TACGAAAGCG	ATGAACATGG	TATCAAGTTC	AAAACCTTCGT	840
	AGAGCTGAAA	AAAATACAAA	ACAATTCACA	CCATATATGG	ATAAAATGCA	AGATGCAATT	900

EP 0 786 519 A2

	ACTAGAAGTG	GATATTTAGT	TATCACGAGT	GATAAAGGTT	TAGCAGGTGC	ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA	AAAAATTGAT	TACTGATATT	GAAGCGAAAC	ATCAAGATAG	TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG	TTTTAGGGCA	ACAAGGTGTT	GATTTCTTAA	AAAATAGAGG	TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC	AAGTAGACGT	ACCTGATCAA	CCTTCTTTCA	AATCTGTTCA	AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA	TAGACTTATA	CAGTGAAGAA	GAAATTGATG	AATTAAATAT	ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA	GCGTTCTTGA	AAACAAGCCT	ACATCTAGAC	AAGTATTACC	ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA	GTAAGGGGCA	TGGTCATTTG	TCTTCTTATG	AATTTGAGCC	AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA	GTGTAATCTT	GCCTCAATAT	GTTGAGAGTT	TGATTTACGG	AACAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG	CAAGTGAGCA	TGCAACACGT	ATGACTGCGA	TGAAAAATGC	CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC	TTATTGATGA	CTTATCATT	GAATATAACA	GAGCGAGACA	AGCAGAAATT	1560
	ACGCAACAAA	TTACTGAAAT	TGTTGGTGGT	TCCGCAGCGC	TTGAATAATA	TTTAAAGGAG	1620
20	GAAAAATAGCA	TGGGAATTGG	CCGTGTAACT	CAAGTTATGG	GTCCTGTAAT	TGATGTTCTGA	1680
	TTTGAACATA	ACGAAGTTCC	TAAAATTAAAT	AACGCCTTGG	TTATTGATGT	GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA	TACAACCTAAC	ATTAGAAGTT	GCGCTGCAAT	TAGGTGACGA	CGTTGTTCTGT	1800
	ACAATTGCGA	TGGATTCAAC	TGATGGTGTC	CAAAGAGGCA	TGGATGTAAA	AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA	GTGTACCTGT	TGGTGACGAA	ACATTAGGTC	GTGTATTTAA	TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG	ACCTTAAAGA	AGAAATTAGT	GATTCTGTTC	GCCGCGATCC	TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG	CATTGATGA	ACTTTCAACA	GAAGTTCAAA	TTTTAGAAAC	AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT	TACTAGCACC	TTATATTAAA	GGTGGTAAAA	TCGGATTGTT	CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA	AAACAGTATT	AATCCAAGAA	TTAATTAAACA	ACATCGCTCA	AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG	TATTCGCCCG	TGTAGGTGAA	CGTACTCGTG	AAGGTAACGA	TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG	ACAGTGGTGT	AATTAAGAAA	ACAGCCATGG	TATTCGGGCA	AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG	CACGTATGCG	TGTTGCATTA	TCTGGTTTAA	CAATGGCTGA	ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG	GTCAAGACGT	ATTATTATTC	ATCGATAACA	TTTTCAGATT	TACACAAGCT	2400
45	GGTTCTGAGG	TATCTGCATT	ATTAGGTTCGT	ATGCCTTCTG	CAGTAGGTTA	CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG	AAATGGGACA	ATTACAAGAA	CGTATTACGT	CTACAACAAA	AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC	AAGCGGTATT	CGTACCTGCC	GATGACTATA	CTGACCCAGC	GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC	ATTTAGATGC	AACTACAAAC	TTAGAACGTA	AATTAAGTGA	AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG	TGGATCCATT	AGCGTCTACA	TCAAGAGCAT	TGGAACCATC	AATTGTAGGT	2700

55

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCÀAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATATGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACTGTA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACAG ATGGAACTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAG ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaaya CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAAT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAATAAAT	4320
	TTTAAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

EP 0 786 519 A2

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GA CTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTCG	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
	GAAATGGGTG	GTA GAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
15	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GGCGTTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAnAC	AAGCGTTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTA AATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAATTC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTTAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTGCA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

	AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA	60
5	AGGTTTAAATG CCAAACCTTA AAAGCTGGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
10	AGAAATCAAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
15	AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
20	TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
25	AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
30	ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
35	TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
40	TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
45	TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
50	AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
55	ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
60	TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
65	AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
70	ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
75	CGAAAGTAAT TTCTGGATT TCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTTAA TCAGGCGTTA	960
80	TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
85	ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
90	CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTAA GCGTAAAAAA	1140
95	ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
100	AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
105	TAcTgCAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
110	AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTAA	1380

EP 0 786 519 A2

	TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT	1500
	AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA	1560
5	AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA	1620
	TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG	1680
	AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA	1717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1279 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

	GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT	60
	TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA	120
25	TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA	180
	TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA	240
	TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT	300
30	CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC	360
	AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG	420
	ACAGCTTAAT TAACCTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA	480
35	TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT	540
	TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG	600
	AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG	660
40	GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAAT CTAGATCAAA	720
	TGAAGAAAGA TTTCATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC	780
45	AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT	840
	CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTAGTTAAT GAATTGTTAA	900
	ATGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG	960
50	CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA	1020
	TGACTTTTAA TTAYtGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG	1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200
 TTGCACCAGA ACATTTACma CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAna 1260
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180
 CGATTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCCT 240
 25 AAAACGTAAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTA AAATAAATTA TATATTCATG TTGACAATTT 360
 AAAATGTCTG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCTGATG 660
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720
 40 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780
 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAA AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTtTyAGAm 1080
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140
 GTTA 1144

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

```

10 ACAACCAATT TTACTAAACA TGGTrTCAT gCATTTTCAA TATTTAGATG TCGACCGCAT      60
   AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTTCTAG      120
   AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT      180
15 TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTTAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC      240
   CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTTTATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA      300
20 AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA      360
   AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAaTG      420
   CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC      480
25 AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTTATAAT      540
   GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT      600
   ATTTATATAG ATGTATTCTGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT      660
30 CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC      720
   GTTGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAAG AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA      780
   CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTTAATG      840
35 TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTGGAATTG      900
   AAAATGAACA AATCACCCCTA TCGTCCTAAA GGCAAACGTT TCGCCATAGA TATGTTAAAA      960
   ATGATTTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTTATCA ACTTGATAAG      1020
40 CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT      1080
   TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTaG CAGCAATTaT TAACGTATTT GTgTkTAATT      1140
45 ATkTTTTtAC GGAACCTA                                     1158

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGGAAATAGTT	120
	ATTTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTGTA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTIONAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTGTAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTAAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAwGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

EP 0 786 519 A2

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800
 TTTTGTAAAT AAAATAAAAA TTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920
 TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTA AAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT 1980
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA 2040
 10 GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGA ACT TGTTCTAGCT 2100
 ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGA ACT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220
 15 ATTT 2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 20 (A) LENGTH: 1690 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60
 30 CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT 120
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480
 GGAATAATAA TGTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT 540
 AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600
 45 CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAakCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG 660
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC 720
 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780
 50 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020
 5 TTCATATGAT TCACCCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAAATG AATGCCATAA 1080
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAAAT GTTAAAAATT 1140
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAAC AAATTGAATG 1440
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500
 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCATTAATAA 1560
 20 GATATTTTGA AATTTGGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680
 25 AGTAAAAATT 1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2112 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300
 45 TGTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT 420
 50 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480
 AGTGTAcCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

	TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTITAGTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGC GGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TCGTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGsC TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCAC TTGCT TCTGATAAGT TATATGATTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTTAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
45	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG 60
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA 240
 AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360
 15 CGTTAACTGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1372 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30 TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60
 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120
 TTCGGTTTGT TTAAAAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180
 35 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTTTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240
 TACCCATTGG CTTTGGGATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360
 40 GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAATCC ATTCGGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420
 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600
 TTAAATTTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTATAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020
 COGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAATCC ATTACGTTCT 1200
 TTACCACTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320
 15 ACTAnATTTT CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTGTTC GTCTTATATA 60
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTTTCC TATGTCATTT AACTAAACAT 120
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCCTTT 180
 TGACTTAGTT TAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTGG AGTATTATTT AGTAATTGGT 300
 CGACCTTTTC AACCATTTGA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360
 CTTGaATCAG TTCTGaTGGa CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420
 40 AAAGCGACTC TAAAAATGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTGAT AACATCAGTT 480
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC	ACGAAAGCCC	CGGAAACTTA	TTGTGTTACA	AGATATATAA	GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA	ACAAAATAAA	TGAAATTAAA	CGTTTTAAAA	ATGAAACAAA	TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA	TGAAACTGTT	TATAGCTTGA	ATAGAAGCAT	TTATTTTSTA	GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT	CAACATTSTA	TGGCAAATGA	ATCAAACTT	GAGCGCAAAT	GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA	GGCCAAACAT	TAGGTCGTTT	ATCATCAGAA	GTCAGCATCTA	TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA	GTAACSTTACA	CACCACACGT	TGATACTGGT	GATTATGTAA	TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA	ATCGAATTTA	CTGGTAACAA	AGAAACTGAC	AAAGTTTACT	ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA	GGTGGTATCA	AATCAATCAC	TGCTGGTGAA	TTAAGAAGAA	CTAACCCAGA	480
	ACGTTTAATT	GAAAACSTAA	TTAAAGGTAT	GTTACCAAGC	ACTCGTTTAT	GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA	TTATTTGTAT	ATGGTGGCGC	TGAACATCCA	CACGCTGCAC	AACAACCAGA	600
20	AAACTACGAA	TTACGTGGTT	AATTAGAAGG	AGGAAATGAC	TTTGGCACAA	GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG	CCGTCGTAAA	AACTCwGtAG	CACGTGTACG	TTTaGTACCa	GGTGAAGGTA	720
	ACATCACAGT	TAATAACCGT	GACGTACGCG	AATACTTACC	ATTCTGAATCA	TTAATTTTAT	780
25	ACTTAAACCA	ACCATTTGAT	GTAACSTGAAa	CTAAAGGTAA	CTATGATGTT	TTAGTTAACG	840
	TTTATGGTGG	TGnTTCACTG	GACAAGCTCA	AGCTATCCGT	CACGGAATCG	CTCGTGCAAT	900
30	ATTAGAAGCA	GATCCTGAAT	ACAGAGGTTT	TTTAAAACGC	GCTGGATTAC	TTACTCGTGA	960
	CCCACGTATG	AAAGAACATA	AAAAACCAGG	TCTTAAAGCA	GCTCGTCGTT	CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT	TAATTGTCGG	ACGATATATA	CAAAACACCT	CGATATTATG	TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGCGT	TTTTGCGGCG	AATATGGAAT	GTGTAGAATA	TAAATGAATT	TTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA	GATGAAGAAC	CATGAATGTG	GAGAACAATA	AATAGTTGGA	TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGGA	AGTGGAAGTG	GATTTGGAAT	ACTTTACTCh	AAACGATTAA	AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA	AnAGAAA					1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 673 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

60

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

55

EP 0 786 519 A2

TTATTGACAT TGTTTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120
 TnATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT 420
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAACTGTT 600
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCG 660
 GTTTACCACT ATC 673
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1240 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300
 40 GCTTTTGGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540
 GATTTCGCCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTCAG GAGAAaGAAAC ATTGGAACAC 600
 50 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660
 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

55

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT 840
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960
 AATACTGCAG CTAACATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCma ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACCTC GTAAAAGATG 120
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTGTAGAT GACGAGGATT 480
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTG ACTGAAAAAG 600
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTG 660
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAG GAATACTTAA 720
 CAAGTAATTC AAACCTCAAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

EP 0 786 519 A2

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080
5 GTTGTCAACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTAAATTA 1140
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTSTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1761 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60
25 TAATTTATTTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTCAG TACTATAAAA 120
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420
35 CATGCTATTTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAAATACGC 480
AGCATCAGCT TTAAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAATACTTC CAACATGAAA 660
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTCAACAT 840
TTTCAATTAT TGTTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGtTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTIA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260
 TTTGATyCAG TTGGTGTTCG AGTAACCTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320
 TGAGTTTGAG CATTtTGTGG TGCTTCAACT TCTTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440
 CCTGTTCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTtTTTG ATTTAATGTT 1560
 15 TGATCATTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680
 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTG TGTCTCTAAA 1740
 20 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 794 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGagCGTGAA GAAAAAGCAA 60
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCTGA 240
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300
 ACAGTGTGTA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480
 AAGTGACACA AATTAAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540
 GGGTTAAAGT GAGTAAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600
 50 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1161 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60
 AGAAATTTAT TCTTCITTTT CTTTTCAGCA GTTATCATTG CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAAATCAA 360
 CTAGTGA CTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATT 420
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTTTTTT ATATTAAAAAT 540
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660
 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720
 CGAATCCATC TTTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTG TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAAT 1020
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACTT 1140
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

(A) LENGTH: 1504 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTTAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACATTT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
45	AAGGGAATC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGac	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTtCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1623 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGAyTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAaATA	120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC	420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagAAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAT GTGTACATTa AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAATAAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGAAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTTAAAAAT 60
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480
 35 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTTCAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600
 CATTT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1739 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 45 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACATAAT ATATATCGTG 120

EP 0 786 519 A2

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAACTGTG TTAATAAGC GTCCTGGAAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
35	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTTT	1500
	GAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCACAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TAAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- 50 (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1745 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
- 55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAaGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
35	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTGTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCT AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTCGT GTTTCTCTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTACCATT TTTGTCATCT 60
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120
ATTACGGCAC CAATTAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180
TTCAAATTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCTGTAG TAGGTGCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTGCG ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660
ATATCCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACIATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTGCGC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5 AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAnA 60
 CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTA CCATATTACA AATTGTGTTG 120
 TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT 180
 10 CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA 240
 CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCCACTAG AACTTTTCA GTTAATCTAC 300
 15 TTA CTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT 360
 ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTATG ATTTTATTTT 420
 AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTAC TTA AAACCTC AGGTCCTAAA 480
 20 TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT 540
 TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT 600
 TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATTT ATATGCACCC 660
 25 TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT 720
 TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC 780
 CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTT ATCACCTACG 840
 30 ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC 900
 GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA 960
 35 GCACCGTCAA CTAGTAAAAT TTGGTTTTTA AATTAGGAT TATACAATGA CTTCCA ACTA 1020
 TCAAATGATT CATTGGATA CTTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA 1080
 TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA 1140
 40 TTTTAAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT 1200
 TTTTGAACTG nATATTC ACT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT 1260
 TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5763 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCTT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAACTGTT CTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAATA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAAT TTCAATTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTACAA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACCTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATTGA TGTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTTCATCATCA ACATTCACCT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACCTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTTCATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTCAAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

55

	AAGAATCCCC	TACCTCAATT	TTAATTGAAG	CCGAAGAAAG	TAAAATACCT	GAAATCAAAA	1860
5	ATATGCTTAC	TCATTTTTAT	GCCGATCATA	TTGAGCATCG	ACGCTGGGGC	GCACCATTC	1920
	CTGTCATTGA	AATTGTAAAA	CTTGGTATTA	ATAAAGCAAG	AGGCATTGAG	CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTTAA	TATTGACCGA	AATAATATTA	TTGCATTGCG	TGATGAAGAT	AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA	GTACGCGCGT	CACGGTGTG	CTATGGA AAA	TGGTTTGCAA	GAAC TTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA	CAATATTACA	TTCAACAATA	ATGAAGATGG	CATTGGTCGA	TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA	TTTAAATATT	AGATATTACT	GTTAATTTAT	AACTAATCAT	TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA	TAGGAGGTAA	GTTACGATGC	CCAAAATAGT	CGTAGTCGGA	GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC	ATGTGCCAGC	CAAATTCGAC	GTTTAGATAA	AGAAAGTGAC	ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA	TCGTGATATG	AGCTTTGCTA	ATTGTGCATT	GCCTTATGTC	ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA	TAGAAGATAT	GCTTTAGCGT	ATACACCTGA	AAAATTTTAT	GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT	AAAAACTTAT	CATGAAGTTA	TTGCAATCAA	TGATGAAAGA	CAAAC TGTAT	2520
	CTGTATTAAA	TAGAAAGACA	AACGAACAAT	TTGAAGAATC	TTACGATAAA	CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC	AAGTGCAAAT	AGCCTTGGCT	TTGAAAGTGA	TATTACATTT	ACACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA	CACTGATGCT	ATCGATCAAT	TCATCAAAGC	AAATCAAGTT	GATAAAGTAT	2700
	TGGTTGTAGG	TGCAGGTTAT	GTTTCATTAG	AAGTTCTTGA	AAATCTTTAT	GAACGTGGTT	2760
30	TACACCCTAC	TTAATTCAT	CGATCTGATA	AGATAAATAA	ATTAATGGAT	GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT	ACTTGATGAA	TTAGATAAGC	GGGAGATTCC	ATACCGTTTA	AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT	CAATGGAAAT	GAAATTACAT	TTAAATCAGG	AAAAGTTGAA	CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA	AGGTGTCGGT	ACTCACCCCA	ATTCAAAATT	TATCGAAAGT	TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG	AAAAGGTTTC	ATACCGGTAA	ACGATAAATT	TGAAACAAAT	GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT	AGGCGATATT	GCAACATCAC	ATTATCGACA	TGTCGATCTA	CCGGCTAGTG	3120
	TTCCTTTAGC	TTGGGGCGCT	CACCGTGCAG	CAAGTATTGT	TGCCGAACAA	ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT	TGAATTCAAA	GGCTTCTTAG	GCAACAATAT	TGTGAAGTTC	TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG	TGTCGGCGTT	AAACCAAACG	AACTAAAGCA	ATTTGACTAT	AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA	AGGTGCACAC	GCGAATTATT	ACCCAGGAAA	TTCCCCTTTA	CAC TTAAGAG	3360
	TATATTATGA	CACTTCAAAC	CGTCAGATTT	TAAGAGCAGC	TGCAGTAGGA	AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAAACG	TATTGATGTA	CTATCGATGG	CAATGATGAA	CCAGCTAACT	GTAGATGAGT	3480
	TAAC TGAGTT	TGAAGTGGCT	TATGCACCAC	CATATAGCCA	CCCTAAAGAT	TTAATCAATA	3540

55

	GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTTA	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGSCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCCATCAA TCCAACACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTGTGAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTTAC TTTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAAT AACCATCTA TATAAAGACT GGTAGCTTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
30	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTTAC CATCTTGTCT AATTTTCATTG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTTGTAAA TACATATAAT TTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTGCGA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
50	ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTTG TAAACCAGCT	5220
	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTAAATCC	5280
55	CATACAGCAT CTTGCGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT ATACTTGAAT	5340

TTGGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTG 5460
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAGA 5580
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTTAATTGT 5640
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 422 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTT 120
 TAGTTGTTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300
 35 CGTTTAACAA TATAAATCA GCAATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360
 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTkTATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1188 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

EP 0 786 519 A2

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACCTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420
 GCATCAATAT AACAAATCCA TTTTCTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAAGCC ACATTGAATG TGTGTTGAAGC 540
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATGTG TATTTTAAA ATATGCGGAA 600
 TGTGTTTATA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTIT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCCTACC 780
 20 TGTGGAGCCA TTGGAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCTGCT AAGGtGTAGG 840
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900
 CCATTTTAnC TTTTTTGTIT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTATAC 1020
 TTGTTGAAC TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACCT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTtkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 840 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTG AGGTGGAAGC 60
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480
 TGTTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGA CTATCCCTTG 660
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1373 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTTC CTTGGTAAAA ATCGTTTTTAA CGCCATGATA 60
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240
 GATTAAGTAA CGTTCCTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300
 TACATCATTA AACTTGCTGC AACC GAAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600
 TCGGTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTGCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTCATTA 900
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAYCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080
TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140
5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200
TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260
10 AGATACATAT TTTTtagaca TTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAAC 1320
GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCCTnCCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60
25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120
AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAAACAAT CGACGAaGTT 180
30 AACACAAAAG CATTCGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240
GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300
CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GGCGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360
35 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420
AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAAa GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480
ATAGAAGTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540
40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600
AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660
ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT	TTCTCCTAA	TCTCGGATTG	GATAGTGGTC	AATTTTTCTG	GCCCGCCATT	60
5	TTAGCGTTTG	TTCTAACTGG	GATTGGTTTA	CCATTATTAG	GTGTGATTGT	AGGTGCACTT	120
	GATAAAGAAG	GATATATTGG	CGCATTAAAT	AAAATTTTAC	CTAAATTTTC	AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA	TTTATTTGAC	TATAGGACCA	CTTTTGTCAA	TACCTAGAAC	TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA	TGACAATTAC	ACCAATTATA	CATAGCAATA	GTAGTATCGC	TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA	TCTACTTCAT	AGTCGTTTTG	TATATTTGTT	TAAATCCATC	TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG	GTTCAATTATT	AACACCATT	TTATTGATTA	CTATTTTAGC	GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT	TAGACTTTAG	CGGTAATAGT	GCTGGAAAGG	GCAATGAAGC	ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT	CAAGTTTTGC	TGAAGGCTTT	ACACAAGGCT	ATTTAACAAT	GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG	CTTTTTCAAT	GATTGTTGTT	AATGCAGTAA	AACTAACAGG	CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA	TATTCAAACA	AACTTTGACT	GCTGGTTTAA	TTGCAGCCGT	AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA	TTTCATTAGG	TTATATTGGT	AATCATATGC	CAGTAAGTGA	CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA	AATCCAAAGA	TCGAAACATT	GGGACATATT	TATTAACGAC	AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG	GTTCAATTCG	AAAATATTTA	TTGGGCATCA	TTGTGGCGCT	GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT	GCGGGCTTAT	TGTTGCAGTT	TCTGAATATT	TCCATAGAAT	CGTACCTAAA	900
	GTATCATACA	AAGCATTGTG	ATTAGTTTTT	ATTTTAATGA	GTTTTATTAT	TGCTAACCAA	960
30	GGTTTAAATG	CTGTTATCTC	AATGTCAATT	CCGGTATTAA	GCATTGTATA	CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG	TATTATTAAT	TTTAATTGCC	AAATTCATAC	CGACAAAACG	CATTTTCACAA	1080
35	CAAATTCAG	TTATTATCGT	ATTTATATTG	TCGATTTTCA	GTGTTATTAG	TAAGTTAGGT	1140
	TGGCTGAAAA	TTAACTTTAT	AGAATCATTG	CCTCTAAGAG	CGTATTCCTT	AGAGTGGKTC	1200
	CCAGTAGCAA	TTATTGCAAC	GATATTAGGC	TATCTAGTCG	GCATATTTGT	AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT	ATCAACAGGA	ATAACGAATA	ATATAAAAGA	GGTTGGGACA	TAAATCCCTA	1320
	AAAAACAGC	AGTAAGATAA	TTTTCAATTA	GAAAATATCT	TACTGCTGTT	CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC	GTATTGAATG	GCTTCGCTTT	CCTAGGGTGC	CGTCTCAGCC	TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG	CTCCCTCAGG	AGTCTCGCCA	TTAATACTAC	GTATTAACGT	GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC	TTTAAAAAAA	TAAGACACTT	TGCCCAACTT	GCACATAAAT	GTAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA	TTTTCTGTGT	TGGATCCCTT	CGTATAATTT	AATAAATACT	ACTAAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG	TGCCTTATGT	ATAAAAATTA	TAACATGACC	CAACTTACAC	TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT	AGAATTCCTC	AAAATGATAA	TACGCGATAT	GTTAATGAAA	TTGTTGAAAC	1740

55

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GYCCAAATTA ATCAAAAGCT 1980
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040
 10 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100
 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280
 TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTATTGTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAAC TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTTCA CAACTTCAAC 2520
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640
 AACCACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TInGTTChTG 2700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaa ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60
 GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCfTT AGACATTGAA 120
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCACG 180
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTCAT AGCTAATTGT 240
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTCAC AGCATTTTTA 360
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATaSc AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT 480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAA ACATGCAATC 660
 5 AGT~~r~~CkTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720
 AT~~m~~CTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780
 CATT~~t~~TTTCTC CTAAATGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840
 10 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCTTTTAAAC 1020
 TTCGATATCT TTTCTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAG~~c~~CTT 1080
 TTAAATTGAT kGACATAAT~~c~~ TCCTATTCTT TTTTATAGTT T~~n~~GATGGAA ATCAC 1135

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120
 35 CACATTTTAT TCAGATTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTACTGA 180
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTT~~t~~TC 240
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCAT~~t~~TC 300
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAAT~~t~~TCCG 360
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTACCTTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGTACAC 600
 50 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660
 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAAC~~t~~TCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 587 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTCGTATC ATTACATTAA 60
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120
TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTATTAT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAAC GGTTCGTAGT AATATTTTCA 240
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300
GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 812 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTT TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240
TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600
 10 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660
 CCAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 526 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTGTAATAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATT AATTACCAA 180
 TTAATATATC AATTAACTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420
 40 TTAGATKTAC ATAATATATT TATCGTTATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAAATTATAA AATtGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4544 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAACATA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwLATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
50	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
55	TTTGTtatgc AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTAAAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GCGGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAAA TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGCG AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AAaAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTCTG GTGACTATTA AAGTTTTAAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAAAT	2580
	AAAAACAAGC AAATATGTTA AAAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTGATTCA TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGTATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTTAGCAA ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTTCAGTT ATAAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT	3540
	TATTTCTTGA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTATGATT TATCAGAAAC	3600

55

AACACATTCT TGGATTCCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900
 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660
 5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780
 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTTAAA 840
 10 TATGGGTACC ATGATTTAnA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3122 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTcCA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120
 AACAATACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACATGGAA 660
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTAAAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGA CT TATTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTAaTAGA AAAATCTGTT CaAATAAAgG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACCTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGG	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAAATCA AAACCTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTACT	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
	ATATGGAAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTT	2820

55

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940
 GTAAAAATGG TGTTTGCTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA 3000
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060
 GAGGTGCGCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120
 GT 3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAdAGATAT AdAThAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT 60
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTCAC TGGCAATATC 180
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300
 30 TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420
 TAATATCGAC AATTTCGAAT CTGTCITTTT TGACGTGTCT AATTGAATT TAGTAATTCT 480
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCITTT TTGTTGTGTG 600
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTGACTAGT GTATAAGTGC 660
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAATTTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080

	TCAAAATCTT	GTGAGAGAAT	TTGAAAAAAC	ACATACTGTC	AGTGCACACA	GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC	AACCTAGTTT	CGTTTGAATA	CAAAGTGAAG	AAAATGGTCT	TACAAGAGCG	1260
5	AATGATAAT	GTATTAAAAC	AAGGATTAGT	TAAATAAAAC	TTCAATCGTT	GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT	AATTAAATGT	TATGTTAATT	TTTGTTAATG	AAAAAAGTAA	TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTTAA	TGTAATTGTC	CTGAAATTGA	CTATATACTC	AGTAAGTATC	AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA	ATGAAATTTA	AAAAATATAT	ATTAACAGGg	ACATTAGCAT	TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG	ATAGCAACTA	TAGAAGGGAA	TAAAGCAGAT	GCAAGTAGTC	TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa	agTCAGTTTC	ATGATAAACG	CATAGCAGAA	GAATTAAGAA	CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT	GTATATGCAT	TAGCTGCAGG	AAGCTTAAAT	CCATATTATA	AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT	GAATATAGAG	CTAAAGCGGC	ACTTAAGAAA	AATGATTTTCG	TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA	GTTGCATTAG	AAAAAATATA	CAAAGAAATT	GATGAAATTA	TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA	CAGGTTGAGA	CAAAAAATGG	TCTTAACCTG	TTTTCAATTT	GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT	ATCAAAATGC	TTATGTATAA	TGAATGACAT	TTAAAAGTAG	GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA	ATAGTTCCTA	GGATTACTCT	CAAAATAACT	ATATCAATTA	TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT	TTTAAAATAT	GTACATGTTT	AAACAATCAA	AAGTGACAA	TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG	TTCTAGTGCT	ATATTGGTAG	TAGTTGACTA	AATGAAAATA	AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC	AATACTCGTG	GGGCCACAAC	AGAGAGAAAT	AGGATCACCA	ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCACCAATTT	CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG	GGTGGGGCCC	AACACAGAAG	CTGGCGAAAA	GTCAGCATAC	AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG	GGCCACAACA	GAGAGAAATA	GGATCACCAA	TTCCAACAAA	CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC	CCCAACATAG	AAGCTGGCGA	AAAGTCAGCT	TACAAAAATG	TGCAAGTTGG	2400
40	CGGGGCCCCA	ACATAGAGAA	ATTGGAACCC	CAATTTCTAC	AGACAATGCA	AGTTGGGGTA	2460
	GGACATCGAT	AAAGAAATAC	TTTTTCTTTA	GCAATTAGTA	TTTCTTATGC	ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT	CATTTTTTAA	GTACaCATTa	GCTACAGCTA	ATGATAAAGA	ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT	TAGTGGTTCT	TTATCATTTT	TATCTCACTC	TTTTACTGGA	AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA	GAACATGCCA	CAATACCAA	AATAATTAAG	AAAAATAAGA	CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT	TTCAAACAAC	CTCTATCAGT	TTCTTTCGAT	TTTCTTTGTT	GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA	AGTAGTTTTG	CGGCTTTTTT	ATTTATATGT	TTATTCATGA	TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA	TGTTTAATTC	ATTAAAATAG	TTGAAAACAT	GACTTGAAAT	AAAGATATAA	2880

55

AATTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360
 TTTTCATTTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT 3480
 AGCTACGTCA ATTGTAAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720
 25 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780
 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA 3840
 TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTTT 3900
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960
 GTCATGTTAG CCAATTTTTA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1353 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGGaTG ATTTAATaTG GtCCtTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

55

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600
 TCATAAAAT ATGGCTCAAT TAAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720
 AGTTTCTGAA CAACAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960
 20 GCGTCAAACCT CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020
 TGAAAGTCAT GATTTTCACAA CAACGCATCA ATCACCACAA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1987 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

	TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT	480
	AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA	540
5	CTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT	600
	ATTCAATTCCT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC	660
	TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG	720
10	GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA	780
	CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA	840
	CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA	900
15	TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC	960
	GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA	1020
20	TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA	1080
	ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC	1140
	CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA	1200
25	GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG	1260
	AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA	1320
	ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT	1380
30	TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTG	1440
	CTTTAACTTG TTTTTATTA TGTAATTGga CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT	1500
	GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA	1560
35	CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTTGC CyTTTAAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT	1620
	TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG	1680
	TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA	1740
40	CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA	1800
	GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGTnTTAAAC CATGGAAATT	1860
45	TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTnTGTGT AGAATGATCT GTATGATTAA	1920
	AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTTnTT	1980
	TATAATT	1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1351 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTanT GGCGTCnTAT CGAGTATACT ATTAACTTCA ACTATTTTtag	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AAACCTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTAGTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATTa	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAACCTCGC CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAAC TTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 433 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTACCG ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTFA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300
 ATTTTAATAC CAAACTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAATA TCAGAAGTGT 360
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420
 TTTTGACCCC nAT 433

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1845 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTCGG CAATAGAGAT 60
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300
 TCAATATTTT CAAGTTTTCC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360
 40 GAACCTGATG CAAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600
 TTTTGGTGT TGGAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTTTGACAT ATAATTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

EP 0 786 519 A2

	GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC	900
	CCTCTTTTAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC	960
5	CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA	1020
	TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCAATAA	1080
	CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG	1140
10	TCGTTAAAAAT ATCATTAAACA CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC	1200
	CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTGCTAC CTACTCCGTC TGTTCCAGAA ACTAAACTG	1260
	GCGCTGtCAT ATTAAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA	1320
15	TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GactAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC	1380
	CAGCATGAAT ATTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTAAATT TCCCTCGCTA	1440
20	TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA	1500
	TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT	1560
	AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT	1620
25	AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA	1680
	GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAA CATAAATTCC	1740
	GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTtKATTT GCACCAGAAT CKTTTAAcAT TTTCAcATG	1800
30	CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG	1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35	(A) LENGTH: 1141 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

	TCATAAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT	60
	TGAAGCTTGT GGCCTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC	120
45	AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT	180
	CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT	240
50	TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTTATC	300
	ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC	360

55

AGTTTTAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATCCATTT GACGTTGTCC 600
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660
 10 TAATTTTTGG TACCCPTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780
 TTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCTTC 1080
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140
 A 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1565 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGcNc ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATAmCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAAGTTAA 300
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360
 GGTAACAA CAAGAACTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAA TAAAGCCTTG 720
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTAC AAGTATGGCA 960
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140
 15 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGT 1200
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTTAC ATTGGAAAGT TAAAATTGAT 1500
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTAAATATAG 60
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120
 45 TCATATTTAT TTACTATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTC CAATGATAAA GATTGCGTTA 180
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360
 TTGATTAGTG CAGGTATAtC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
10	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCCTTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
30	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCTG TGTTATFGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAAC GGCATTAAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAAGTACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
50	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

55

EP 0 786 519 A2

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACCTTGCA GAAACAGAGC 2640
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTGAT CTTGCGTCT 2760
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820
 CGAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300
 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTTGAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGT TGTTGGCATT AATTTTCAA 480
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAAaTGCTT AAGAAATTTT 540
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

EP 0 786 519 A2

	TATATGATGT	TCAATATTTT	CATGTCCATC	TTTTATTAAA	GAAACATGAT	TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA	CGTGTATTTT	CCAAAGCTAA	ATCTTGAATG	TCGAAACCAT	AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT	TGTTCGGCTA	AAAATAAAGT	GTCATTGCCG	TTACCGCAAG	TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT	TCTGGTGTTA	TATGTTGTTT	AATAAGTGTT	TTTGAAAAAG	GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTC	ATTGCTTCAC	CTTAGACTTG	TAACGCAAGC	CTTGATAAGA	ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG	CATCGATGCC	ATTTAATACT	TCCCATTITAT	TAACACTCCA	CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT	CTATTGGACC	ATCACCGGTA	ATTCCGGTGAA	CGATCATTTT	AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT	GGTCCACAAC	TAGGTTTGTT	TACTCTTCTT	GAGTCATAAA	AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT	ATTGTTTTAC	CATCGGTGTA	CCTTTTAAAC	AATGAAGTAA	ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA	CATCCATTTG	TGCACTTCTT	TGGCAGTAGC	CATCATCATG	TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA	GCCATTAATG	ATGTGTGTAC	ATACATTGAT	ATTATGCTTA	CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC	ATAATAAGTT	TTCATATCAT	GGGCACGATT	GATTAAATCA	GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT	TTGTAGTCCT	AATTCAACCC	ATAAGTATGT	TCGTTGATTG	AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC	AACATCGTCT	GGTAGACAGT	CAGGACGCGT	ACCAATAGAT	AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC	TTTAAGTACA	GGTTCGAATT	TTTCTTTTAA	TACTTCAACC	GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA	TGCCTGAAAA	TAAGCAATAT	ATTTTCCTTC	GTGCCATTTC	TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT	TTCTTTAAAT	TGTACTGCGA	TTGAATCTGC	ACGATTACCT	GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC	AGCAGAACAA	AATGTACATC	CACCATGTGC	TACAGTGCCA	TCGCGGTTAG	1920
	GACAGTCAAA	CCCGCCATCC	AATGCAACTT	TAAATATTTT	TTGTCCAAAT	TTATTTTFTA	1980
35	AATGGTAATT	CCATGTGTGA	TAACGTTTGT	TTTCAAAGC	GTATTGGAAA	TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT	TCCTTTCTAT	AAAAAAAGAG	TTCTAAGTAC	AGATTTTAAC	ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT	TTATTATAGT	TTGACAAAAA	AGAGAGAGGA	ACTATGAAAT	ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT	CTGGTGGCTA	GTAATTGGCA	TGGCGTTAAA	TATTACTGGT	TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT	AAATACAATT	TATATGAAAC	AAGAACTTGG	AAAAAGTTTA	ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT	AATGATAAAT	TCATTTGGCA	TGGTTATTGG	AACTTTATTA	GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA	ATTAGGTGGA	TACAAGACGA	TTTAAATTGG	AACTTTCACT	TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT	ACTTAATTTT	TTTCACGGGT	GGCCTTG GTA	TGCTGTATGG	CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG	TGGCGGAATG	ATTATTCCTG	CGATATACGC	TATGGCTGGA	GCAGTGTGGC	2520
	CAAATGGCGG	AAGACAAACG	TTTAATGCGA	TATACTTAGC	GCAAAATATT	GGTGTGGCTG	2580

55

EP 0 786 519 A2

	ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA	2700
	ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT	2760
5	TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT	2820
	GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG	2880
	TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC	2940
10	TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTATGT	3000
	TGTCGTTCTT TGTACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA	3060
15	TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT	3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 5532 base pairs
20	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

	TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG	60
	AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG	120
30	AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA	180
	CATCAGCACC AGTGTTGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC	240
	ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTAG	300
35	GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG	360
	AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT	420
40	GGTTATATGA ATAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG	480
	GTTTGTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA	540
	GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT KGGTAaCAG TAtTaAAAaG AGAGGAATAT	600
45	TCTTTATCAA ATGAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGaA TATTATTTTCG	660
	ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT	720
	TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT	780
50	TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT	840
	TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAACT TTTATTAATA	900

	GATACGATTA	TATTAAAACG	GCTAATCATT	TTAATTAAT	GATTATATGA	TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTCA	TGATACTTTT	CTACAGACGA	ATATATTATA	ATTAATTTTA	GTTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA	ATTCTGACAT	TTAAAATGAG	ATGTCATCCA	TTTCTTAAT	TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT	TATGAATGCA	CAATGAATAT	GATAAGATTA	ACAACATATT	ATAATGTTAT	1200
	CGTGGAAGTA	TGAAAGGAGC	GAGTGTGTAT	GAGATACCTA	ACATCAGGAG	AATCACATGG	1260
10	ACCTCAATTA	ACAGTTATTG	TTGAAGGTGT	ACCTGCAAAT	ATAGAAATTA	AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA	GAAATGTTTT	AGCGTCAAGG	CGGTTACGGA	CGTGGACGTC	GTATGCAAAT	1380
15	TGAGAAAGAT	ACAGTAGAAA	TAGTATCAGG	CGTTAGAAAT	GGTTATACAT	TAGGTAGTCC	1440
	AATTACTATG	GTGTAAACCA	ATGATGACTT	TACGCATTGG	AGAAAAATTA	TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT	GAAGAAGAAC	GTGAAAATAT	GAAACGTACT	ATTACAAAAC	CAAGACCTGG	1560
20	TCATGCAGAT	TTGGTTGGAG	GTATGAAATA	TAATCATCGT	GATTTACGAA	ATGTGCTAGA	1620
	GCGATCATCT	GCTAGAGAAA	CAGCAGCTCG	AGTTGCAGTC	GGTGCCTTAT	GTAAAGTGTT	1680
	ATTACAACAG	TTAGATATCG	ATATATACAG	TCGTGTTGTT	GAAATAGGTG	GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT	TATGATTCAG	AAACATTTAA	AGCAAATCTT	GATCGTAATG	ATGTTTCGTGT	1800
	AATTGATGAC	AGTATCGCAC	AAGCAATGCG	AGATAAAATT	GACGAaGCTA	AAAATGAAGG	1860
	AGATTCAATT	GGCGGTGTCG	TTCAAGTTGT	AGTTGAAAAT	ATGCCTGTTG	GTGTAGGTAG	1920
30	TTATGTGCAT	TATGATCGTA	AGTTAGATGG	TAAGATTGCA	CAAGGTGTTG	TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAA	GGTGTAAGCT	TTGGTGAAGG	ATTTAAAGCA	GCTGAAAAGC	CAGGTAGTGA	2040
35	GATTCAAGAT	GAAATTCTAT	ATAATAGTGA	AATTGGTTAT	TATCGTGGAT	CTAATCACTT	2100
	AGGTGGTTTA	GAAGGCGGTA	TGTCAAATGG	AATGCCAATT	ATCGTTAATG	GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA	ACGTTATATA	AACCATTAAA	TTCAGTAGAC	ATTAATACTA	AAGAAGACTT	2220
40	TAAAGCAACA	ATTGAACGTT	CTGATAGTTG	TGCTGTTTCT	GCAGCAAGTA	TCGTCTGCGA	2280
	ACATGTCGTA	GCATTTGAAA	TAGCAAAAGC	ATTATTGGAA	GAATTCCAAT	CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT	AAACAACAAA	TTATTGAGCG	CAGACAATTA	AATATTGAGT	TTTAACAACA	2400
45	AGAACAATTG	AGGTGTAATC	ATGAAATTAC	AAACAACATA	CCCTTCAAAT	AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA	ACACGGTGCA	ATTGACCATA	TTAGCACGTA	TATTGATCAG	TTTGATCAAA	2520
	GTTTTATATT	AATTGACGAG	CATGTAAATC	AATATTTTGC	TGATAAATTT	GATGATATTT	2580
50	TATCATATGA	AAATGTACAT	AAAGTTATTA	TTCCAGCTGG	TGAAAAGACG	AAAACATTTG	2640
	AGCAATATCA	AGAAACATTA	GAGTATATTT	TATCCCATCA	TGTAACCTCGT	AATACAGCAA	2700

55

EP 0 786 519 A2

	ACGAGGCGTG CACTTTATAC AAGTGCCAAC GACTATACTA GCGCATGATT CTAGTGTGG	2820
	CGGTAAAGTG GGTATTAACT CAAAGCAAGG TAAAAACCTT ATCGGTGCAT TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG ATTTATGATT TAGTCTTTTT AAAGACGTTA CCATTTGAGC AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA GAAGTTTATA AGCATGCGTT ATTGAATGGT GAATCAGCGA CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC TTAAAGATA GAGAGATATT ACAGTCATTA AATGGTATGG ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT ATTGAAACGA AGCTGGATAT TGTATTGCA GATGAAAAAG AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT TTAAATTTAG GTCATACATT TGGTCATGCT GTTGAATACT ATCATAAAT	3180
15	ACCTCATGGT CATGCAGTGA TGGTTGGCAT TATCTATCAA TTTATAGTTG CGAATGCTTT	3240
	GTTTGATTCT AAGCATGATA TTAATCATTA TATTCAATAT TTAATACAAC TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG ATAAGTACT TGGATTTTGA AACGTTATAC CAATATATGC TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT AAGCAAGGTG TACAAATGGT CTTGATTAGA CAATTGGAG ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT GATCAACTAA CATTACAACA TGCATGTGAA CAATTAAAAA CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT GAAATGGTAA ATGAACAAAT CATTGATATT TCAGGTCCGT TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG CCGGGCGATA AGTCAATGAC ACACCGTGCA ATCATGTTGG CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA TCTACTATAT ATAAGCCACT ACTTGGCGAA GATTGTCGTC GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA CTGTTAGGTG TAGAAATCAA AGAAGATGAT GAAAAATTAG TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT CAATCTTTTA ACACGCCACA TCAAGTATTG TATACAGGTA ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA TTATTGGCAG GTTTGTTAAG TGGTTTAGGT ATTGAAAGTG TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA ATTGGTAAAA GGCCAATGGA TCGTGTCTTG AGACCATTGA AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT GAAGGTATTG AAGATAATTA TACACCATTA ATTATTAAGC CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA AATTATCAAA TGGAAGTTGC AAGTGCACAA GTAAAAAGTG CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG TTTTCTAAGG AACCGACCAT CATTAAAGAA TTAGATGTAA GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG ATGTTCAAAC ATTTTAATAT TCCAATTGAA GCAGAAGGGT TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT GAAGCAATTC GATACATTAA ACCTGCAGAT TTTCATGTTT CTGGCGATAT	4200
45	TTTCATCTGCA GCGTTCTTTA TTGTTGCAGC ACTTATCACA CCAGGAAGTG ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT GGAATCAATC CAACACGTTT AGGTATTATT GATATTGTTG AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC CAACTTTTCA ATCAAACAAC TGGTGCTGAA CCTACTGCTT CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA CCAATGCTTC AACCAATAAC AATCGAAGGA GAATTAGTTC CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG CCTGTAATAG CATTACTTTG TACACAAGCA GTTGGCACGA GTACAATTAA	4500

55

AAACCTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA 4620
 ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC 4680
 5 AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT 4740
 ATCATTTCCTA GGATTTTCTAC CAAAACCTAAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT 4800
 GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC 4860
 10 TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC 4920
 ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA 4980
 ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA 5040
 15 AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT 5100
 AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA 5160
 20 AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA 5220
 TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AAACCTGGTGA 5280
 ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG 5340
 25 kAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGfAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG 5400
 AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA 5460
 AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC 5520
 30 aATCaTTATA TG 5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC 60
 45 GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa 120
 ACTTGAGAGAA AAACCTmACa CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG 180
 AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA 240
 50 TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC 300
 ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA 360

55

	AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT	480
	TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT	540
5	GGAACCTATG TTAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA	600
	TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG	660
	CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC	720
10	GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA	780
	CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTCAGCAG TGTTTAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC	840
	TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGT GTAATCAACC	900
15	ATCACTTAT GAGTTACCTA AAGATTATC GTCACATAAT GC	942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 417 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

	TGGHAAATGC AAACCAAAT ATGATCCTCG TGCAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT	60
30	GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG	120
	TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT	180
	TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG	240
35	GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG	300
	GAATAACTAG ATATGATCTT GGTGCTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG	360
40	AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT	417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 733 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

	GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC	60
--	---	----

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540
 15 TCyTAAATCT ATCATTCTTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCTGACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720
 20 CCAACCACAA GTT 733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420
 45 TAGCCCTAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACTT 540
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

	TAGAGCTTGA TTTAAATAAG TACCAACTAT CTTTATCTCG AAAGCGTGGC GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG TACTGAATCA AAGAAACGTG AATTTTAAAG TCAATTAATG GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC TAGCGTTTAT TCAGTAATTG AAAATCATTT TGTCTTTCAT TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA AGACTTTGTT GACTTAGAGC GCATTTTAA TGTGAAAGA CtATTaATGG	1020
10	ACTACCTAAG TGCCTTACCC TACCAACTTA CCGAATCAAG TTATTTAACT TTAAGTGTCC	1080
	ATATCGTGCT CTCCATTTCA CGTATAAAAA ATGGAGAGTA TGTCGCATTA AACGATGATA	1140
	TTTATGATTC TGTACAAAAC ACATTTGAAC ACAAAGTaGc AAGCGAACTT GCTGATAAAC	1200
15	TTGGTCAAAT ATATGACGTC ACGTTTAATC AGGCAGAAAT TGCTTTCATT ACTATCCATT	1260
	TACGTGGAGC TAAACGAAAA AATCTTAATG ATACATCATT AAATAATCGT TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA AGCGTTTGTT AACAAAGTAG AAATGATTTT CCGTATGACA TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT AGTAGATGGA CTGACGCTAC ACCTTAATCC TGCAATCAAT CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA GACCTATAAT CCGTTAACAG ACATGATTAA GTTCAAATAT CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT AAGATTAGCT TTAAATGATT GTTGGCCTGA TTTGATTTT CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT TATAGTtTTA CACTTTGGTG GCTCGATTAA AAACCAAGGT AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT AGTCGTTTGC AGCAGTGGTA TGGGAAGTAC TCGTCTATTA TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT TTTTAGTGAG ATTGAGCGTA TTACACAAGC ATCAGTCAGC GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT AAGTCAATAT GATGGCATT TTTCTACTGT GAATTTAGAC ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC GGTAAACCCA TTATTACCAG ATAGTGATAT CAGTTATGTC GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA GTCTACGTTT CAAGAGACGC ATGATAAATC ATCAAACATG ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA TGTGAAACG AAAGATGTTG ATGGCAACAC ATCTTTTGAA AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT AACTTCAGTT TTCGAAAAAC ATTTAAGTGA CGAAAAATCA GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT GCGTTCGGGT TTAACTTTGC TTGATTCAGT GAAAATAGTT AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG GCAAACATAT ATCGCAGATT ATCTATATCA ATGCGATGTA ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT CGCTGAACTA CTAGAGCAAC GATTGATTGA CAATCCAGGA TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC TGTGCAATA CCACACCTAA GAGACAATAT GATTAAACAC CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT TTTAGAAGAA CCGTTAACAT TGCCTAGTAT TCAAAATGAC AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT GATTTCCATG TTTATTTCTG ACAATGATTT TATGGCATCA CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCCGA ATTTTAAAGT TTGAAATTAG AATCTATTGA TACTTTTATG GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA AACATTATTA AGAAACAAAT TTTTAGAACG AATTAAAAAA CAATTTATTT	2520

55

TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT 2640
 AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTATGGG 2700
 5 AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG 2760
 TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGGAT GGCGAAGTAG TTAAAGTTGT 2820
 CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC 2880
 10 ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA 2940
 ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA 3000
 15 GGTTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG 3060
 TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG 3120
 ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAATA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT 3180
 20 CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA 3240
 ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG 3300
 TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC 3360
 25 TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACNaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA 3420
 TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTGAGCCA TTTTACGAAT 3480
 GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG 3540
 30 ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG 3600
 CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA 3660
 35 TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAGTAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG 3720
 ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT 3780
 CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA 3840
 40 AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT 3900
 TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG 3960
 AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG 4020
 45 TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG 4080
 AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT 4140
 AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG 4200
 50 ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTCG TTAATAATTT GTTTTATTTT 4260
 CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCACTACT AAAACAAATT CATATTAACT 4320

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAgyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTCG GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
	GATGGTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
15	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTTG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGGTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATGTGCGGA CTGTTTGTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT	5460
	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
35	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTG CTGTGTAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10 AACAAAGCCT TCCAATTATC TGCCTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG 60
 CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCACG ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA 120
 TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA 180
 15 GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA 240
 AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA 300
 GCTGATTTAC GTGGATTGGA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG 360
 20 CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG 420
 AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG 480
 AAGATTTCTG TAGACCCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT 540
 25 ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC 600
 GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA 660
 30 AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA 720
 TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA 780
 CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA 840
 35 ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT 900
 ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG 960
 CTTATCCACG GGGAGTG 977

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50 AGACAGTGAT yGaATTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAAATTGGT AACATTCTTC 60
 TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT 120

55

EP 0 786 519 A2

	AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT	240
	TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC	300
5	GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT	360
	TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC	420
10	GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA	480
	AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG	540
	GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC	600
15	ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA	660
	TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA	720
	ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT	780
20	TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT	840
	GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT	900
	TGCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCA	960
25	GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT	1020
	CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG	1080
	ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT	1140
30	TTATAATTTT TTGCTTTTTC AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA	1200
	ATGTCATTTG CTTGTTTAAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT	1260
	AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCCTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG	1320
35	CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG	1380
	CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT	1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 784 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50	GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAAg TGTCTACAA	60
	TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAGTTACA CCCTCAGCAA	120

55

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240
 TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GCTCCGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCAC AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540
 ACAATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATT TCAATTACAG 720
 TTTGTCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTCACCT ACGCnaACCA 780
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60
 35 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120
 CTGTAGCTAC AAAGaTTTtA CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTcATTG TAATCATCAC 180
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAAcT CCTACATCTG 240
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTTGTCAATT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360
 CAATGAAAGT GTGTCTTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTcAG GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT 600
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

EP 0 786 519 A2

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
15	GTGCGTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAGCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTC AACAAAGCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCC	2520

55

EP 0 786 519 A2

GAACCAACTT CAGATTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG 2640
 ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTAAATCA 2700
 5 TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC 2760
 GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG 2820
 CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG 2880
 10 CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA 2940
 TTA CTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG 3000
 15 ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT 3060
 CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT 3120
 ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG 3180
 20 ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA 3240
 TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA 3300
 GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA 3360
 25 TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA 3420
 ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTG ATATAAGCAC AGTTTGATG TTGACCAATA 3480
 CTATCGCCTT CTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT 3540
 30 GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATG CTCCACCCAC AATAGCGACA 3600
 TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT 3660
 TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC 3720
 35 TTGAAGGGCC CAT 3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 525 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTAAACGCCA AGGCAAATAC 60
 50 GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT 120
 TCTCACTCAA TGATTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA 180

55

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA_rACTTTGC 300
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360
 5 CAAAACGTAC TTTCATAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420
 ATTTAAGATT ACAATTCACT GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60
 GTTGTTCACT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTTCA 180
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240
 TGaCCATGCT GtAGTGAAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CCTAGCTAAT TGGACTGGTA 420
 35 TTCTGCGTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCACT TCTCTTATTA 480
 TTTGTCCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATT 720
 ATAAACAGTC CGTTTTGCTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900
 TTAATAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCTAAACC 960
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTy TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260
 5 TTyCTTTTTG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAG 1320
 TCATGATTTT ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380
 10 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTCGTCAAT GATTTTATC CGATGCTATG AGCATTatCA AATACAAAT GCTCTCTTAA 60
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTTCATCTT TAGGCTTGTT 180
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTT TAGCTTTAAA 300
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360
 TACAGTGAAA ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420
 35 TGTGGACAC AT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTTAAATA 60
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

EP 0 786 519 A2

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTAATAAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTAAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGATC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCACT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAG GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400
 10 ACTTTTTnCA ACAAATGTCT nACATG 2426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTa TAATGAGATA 180
 ATGTCAATTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TCGGACTGTT AAACTTTTAT 540
 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600
 40 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGAAA CAAGTTCGCT 660
 TTGTTGTTAA ATTCAATTCTG TTTTTCACAA TAcTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTACTA GCATTAAGGT 960
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtTA ATATTTCACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

EP 0 786 519 A2

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140
 GACAATTTCG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCCTTT 1260
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320
 GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380
 10 TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT 1440
 CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500
 15 CATGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560
 ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620
 TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680
 20 ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740
 AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800
 GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAnAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860
 25 AAATAAAATT AAAA 1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 30 (A) LENGTH: 5280 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60
 40 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC 120
 TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180
 AAAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240
 45 TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300
 TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTAA 360
 50 AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420
 TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480
 TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540

55

EP 0 786 519 A2

	AAGCAAGTTT	AGCATTGGGA	ATGTTAGCAA	CAGGTGTAAT	TACaTCGAAT	GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA	aGCAGrAGTT	AAaCAACAAa	GTGAaTCAGA	GTTAAACAC	TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT	AGAGCGTAAA	AATGTGACTG	GATTTAAATA	TACTGATGAG	GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT	CACAGTAGGG	CAACAGCATT	CTCGAATCAC	TTTACTTGGA	TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA	AGACGGAGAA	AACTCAAATA	TAGATGTGTT	TATCCTTAGA	GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC	AACAAATTAC	TCAATTGGTG	GCGTTACAAA	ATCAAATAGT	GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT	CAATACGCCA	ATTTTAGAAA	TCAAGAAAGA	TAATGAAGAT	GTACTTAAAG	1020
15	ATTTTTACTA	CATTTCAAAA	GAAGACATCT	CATTAAAAGA	ACTTGATTAT	AGATTAAGAG	1080
	AACGTGCGAT	TAAACAACAC	GGCTTGATT	CAAATGGTCT	TAAACAAGGT	CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA	TGATGGCACA	ACACATACAA	TCGATTTAAG	TCAAAAACCT	GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA	GTCAATCGAC	GGCACTAAGA	TTAATAAAAT	TCTAGTAGAA	ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC	AACAAAGCGC	TATGTTGAAT	AGTGCTTGTT	ATGGAAATAT	ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC	TGTTGCTTAG	CTTCTTTTTT	TGAGGGGAAA	AGTTACAAAA	CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC	ACGCATTATC	TTTGCTTAA	ATAGCTTAAT	CATATTTTAT	GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA	ATGTGAATAT	CCGAATACAG	CTCCTATAAT	ATGGGTGTAT	GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA	ACAATCTAAT	TATAATAGAT	TGGAGCATAC	AACTATGAAA	ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT	AAGTTTGTTA	TTAGGAATAT	TAGCAACAGG	TGTAAACACT	ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA	TGCCGAAAAG	AAACCTATTG	TAATAAGTga	AAATAGCAAA	AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA	TCAACCTAGT	ATTGAATATA	AAAATGTGAC	AGGTTATATC	AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT	TAAATTTATG	AATATCATAG	ATGGTAATTC	TGTTAATAAT	ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA	TAAGCAACAT	TATCATACGG	GTGTACATCG	TAATCTTAAT	ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA	TAAGAGATTT	GAAGGTGCAA	AGTACTCTAT	TGGGGGTATC	ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC	TGTCGACCTA	ATAGCAGAAG	CAAGAGTTAT	TAAAGAAGAT	CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA	TGACTTTTTTC	CCATTTAAAA	TAGATAAAGA	AGCGATGTCA	TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA	ATTAAGAAAA	TACCTTATTG	ATAATTATGG	TCTTTACGGT	GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT	TACAGTCAAA	AAGAAATACT	ATGGAAAGTA	TACATTTGAA	TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA	AGACCGTATG	TCCGATGTTA	TCAATGTCAC	AGATATTGAT	AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT	AAAAGCATAA	CACATATACT	TGATGACGAA	ATAAGTTGAA	ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG	TGACGATCAA	ACGTTGCTTA	ACTTCTTTTT	AATGCTTAAA	AATTATTTCA	2340

55

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGATTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAACT AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGACTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
25	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCTTGG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

	CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA	4260
	CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA	4320
5	AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG	4380
	GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTATGAA TGTGTCCCA GATTATTTCA	4440
	TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA	4500
10	ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG	4560
	GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA	4620
15	AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC	4680
	AGATTTCTTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC	4740
	TGTACGGTAA COTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA	4800
20	CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA	4860
	ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC	4920
	ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTAT	4980
25	GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG	5040
	AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA	5100
	CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT	5160
30	AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG	5220
	AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG	5280

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 886 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45	AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT	60
	AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA	120
50	GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAma	180
	TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA	240
55	AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT	300

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAAA 480
 5 ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTGTCTCT 540
 TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660
 10 TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720
 CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780
 15 ATTACTTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAAGTTT TACTTTTTTat 840
 CTGtCCGAtT TTTInGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4336 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30 GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60
 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAATATA TTTGTTTTTC 180
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300
 AGCAATAAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360
 40 CAACAGGAAC TTAAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

55

ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA 960
 AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT 1020
 5 TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT 1080
 CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC 1140
 10 ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG 1200
 TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT 1260
 GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT 1320
 15 TCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT 1380
 GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTCAGG 1440
 TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC 1500
 20 AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT 1560
 TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT 1620
 TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT 1680
 25 GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA 1740
 AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT 1800
 30 AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGCGGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG 1860
 CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA 1920
 AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT 1980
 35 TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA 2040
 CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA 2100
 TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA 2160
 40 CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGA CTG CAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTGAG 2220
 TGGTTACGGC AAAGTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT 2280
 45 ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG 2340
 AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTTAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC 2400
 TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT 2460
 50 ATTTAAAAAA TGTGCGCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT 2520
 TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC 2580
 ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC 2640
 55

EP 0 786 519 A2

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
10	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTAGCAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
30	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAAGTT AAAATATAAA CAATTAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCTTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTGTAAT ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTATG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

(A) LENGTH: 487 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10 TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGCA ATTTTCAGGT TAATTTCAAA 60
 GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCACG 120
 ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT 180
 15 AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGAAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT 240
 AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC 300
 TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAACCG TATGCTTTGG CTCCTGAATT 360
 20 ACCTCGAAGT TGTTCAaATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG 420
 aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA 480
 25 TTCTTTA 487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTCAAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA 60
 TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG 120
 40 CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT 180
 TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAA 240
 45 AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT 300
 TGAACCTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG 360
 GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC 420
 50 TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA 480
 AaTATGTCGC AAATTTATTG TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG 540
 CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA 600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTTGTGGA GAcATTaAAA 840
 ATTACAGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTTCA 180
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTTGTTTG TTTTCAAAAT 240
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTTGTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300
 CTAAAGCCTG TTGTCTATTA TTAGGTGTCA TTTCTCTGCC TTGTTCTCA aAAWAGCTTT 360
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTC ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180
 50 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240
 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTCCA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540
 5 AGAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAATCTGAA ACGTCTTTCA 660
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTAGTA TCATTGCGTT 900
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTTAA 1080
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140
 TCGTTCGCGG TGATTIATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTTCG 1200
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260
 GTTGGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4923 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATT AATTTCGAGA 60
 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTTAA TGTTATAAAT 120
 50 CAAAGTCCTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

EP 0 786 519 A2

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAACT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATTC TGTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
15	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTTAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACA ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCTG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTACTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAATC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTAAAGT TTGTTTAAATA TCTTCTCTG	1560
40	TATGTTGAGT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
50	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

55

	AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGCGACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTGGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTTAATTT AATATTTTCA	2820
	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
25	GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
30	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTTAAATTAG CTAAAGAAAT GCGGTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTGTCG AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTAA GGTAAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AAACATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTATAGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTGAC ATGCATATTT 4080
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140
 10 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200
 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGArATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320
 15 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAA GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTt TTTaATTTCT TCACATACTs 4500
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTcACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTtG 4560
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAA AGCGTTACTw 4860
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920
 TTT 4923

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 917 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120
 50 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTGGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180
 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTT GTTTGCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240
 GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTGCT CTTCAATTGCT 480
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600
 ACTTTCCTACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780
 15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACTACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

30 ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60
 TTTCAAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180
 TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTC TTTCACTTTT AGAAACTTT TAATACTATA 300
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360
 ATATTACAAT ACCTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1374 base pairs
 50 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

TTTTGCTTTA TGTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120
 5 ACTTCTACAT TATTAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420
 15 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480
 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACAAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720
 TCTTCCAAT TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840
 GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCTAT CGGTGATCCT GTyACAAAGA 960
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020
 GATTACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAG TGCATCTGGT TGTTTCGCGTA 1200
 ATAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCAtCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTAAAA 120
 TTGTCCTTTT TGA AAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTgaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTGCGCTTC 300
 AACAAATTGCT TGTGGGACAC GTTTAATAAT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360
 10 TGA AAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420
 CGCTTTTTTCA AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480
 15 CATAGCATGA TTA AAATACT TTGCCGCTTC GTA ACTTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540
 TTGTGCTKgt GCGCTTGTGC AAAGTGTATC ACTTCTCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020
 30 AAATCCTAAA CATACACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT 1140
 35 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200
 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320
 40 GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCCCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAC AGAACAAATT 60
 ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAGACAA GGGCAACTGA 120
 5 GGCAGAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT 180
 CTC AATTGAA GAAAAAGCAC AACAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC 240
 TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC 300
 10 AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC 360
 TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT 420
 15 TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA 480
 GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA 540
 TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT 600
 20 CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT 660
 AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA 720
 AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT 780
 25 CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC 840
 AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG 900
 CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA 960
 30 GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA 1020
 AATTGCTAGA GATGAATTC CTGATTTTCA AGTG 1054

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1057 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG 60
 AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC 120
 50 GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG 180
 TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA 240
 TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAT AAAAAATAG TAGATTCCAA 300

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAAATGGAT CGTCTTGAAA 420
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTCATG GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480
 5 TTGTTATAGC TTTTATATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600
 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660
 10 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCG 720
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGTCATGA GCGCCTTGAA CATTATTTGA 840
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900
 ATTCAATTTT TATAAAAAAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGraTATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3754 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACtTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGTA GTTAT 60
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180
 40 GATGATTAAG ATTTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGTt ATTcTACCTG 420
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480
 CTTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTTGTTTT CAATATATTT ACCATTACCA TAAGATTTAC 660

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTGTGA GAAAGGATGC TATTTTGTAA TTATTTTAAT	960
10	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAATC AGTCTGTATA	1020
	TCTACAACAA GATTTCTGT TTCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTC TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCATTT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTtC CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACCT TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
30	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCACT CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
	TTTAAATATT TTTCCGTTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGCC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTCAACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAACCT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCTT TTTGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC AACTAATTCT TTAAAAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTa ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTACTGTAA ATAATAATTC GGTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTTGTAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTGGA CTGATATTCC	2460

55

GAAGGTTAAA ATTTTAAAG TAAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580
AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640
5 TCTTGATTTT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700
CATTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760
ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCACC TCTAATTAAT 2820
10 TAAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAAT 2880
ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940
TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000
AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060
TTGAATTAAA TTTTATTTA TATTAgTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120
20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180
TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240
ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300
25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360
TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420
TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480
30 TTTCAACGAA TAATGAAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540
AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600
AGTCTCTTAC TACAGAAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660
35 TTTCAAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720
TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTc 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 815 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
45 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60
AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAACCATA 240
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTTG TTGCAACTAC 360
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420
 10 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480
 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540
 ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600
 15 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660
 GTAGTGTGTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 919 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTACTAAAAT TGTATTATTA 120
 TTATGTTdAA TTGACnCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300
 AAATAGTATT ATTCACTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360
 TATTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATT CATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540
 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600
 50 CTTTLAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAAT 660
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

55

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTCG TTAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180
 ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420
 30 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60
 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120
 50 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCActGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180
 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

EP 0 786 519 A2

	CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT	420
	TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTCATG TAGATGCGGT	480
5	TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG	540
	ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT	600
	TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT	660
10	GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT	720
	GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCOA TTTTAAATA AATATCATGG	780
15	AGTTTATATT AATTCTTCAA CTCAGGTTT ACCATTCGTT TTAAATATTA GTTTTCCTGG	840
	CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC	900
	AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC	960
20	AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTGGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA	1020
	TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA	1080
	ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT	1140
25	AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCaTTAAA AGGACTTGAT	1200
	GGGTTTGTCTG TTAAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT	1260
30	ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA	1320
	TTAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT	1380
	TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCAATG	1440
35	GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA	1500
	TATTTCCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT	1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 968 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
45	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50	ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAATTTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA	60
	TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA	120
	GGTGTAAC TG CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT	180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420
 GCCGATTTAT TTTTAGATTG TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAAGGTCG CGTAGAACCT 660
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960
 AATGTTTT 968

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 436 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

35 TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTG 60
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTTCA 120
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTTCATATT GAGTTCATAT 180
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAAATTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360
 TTCGTWATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420
 aAATTGaGAA ATCGCA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2554 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTTGTC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTACCTAT AAATGCTTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAATGCTT TTTTATCAG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTCTC TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
25	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAT AAATCTGAT AAAAATCTGT	600
	TTCTTCCCA AAAATTAAT CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTTCATCA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTGTTTA CTATTCGACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAATGTAT TAAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTTGCTCTT GATACATTTT TATTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TtATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAAT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGTTkGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTTCGAA	1440
	tACTCTTTTCG TCTATTAAAT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740
 5 AATTCACCTTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800
 ACAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860
 10 TTTTCTCGCA CTTCAATTAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100
 ATTTGTTTCT CAACACTTTC AGGTTCTACA TTGCCGACAA CATAACAGA ACATTGATCA 2160
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATA GTATTTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280
 TTTAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340
 GTTTTCTCTT GGTAAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400
 25 ATGATTTCTT GtAATAAATC TAATCCTTGa TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGAAAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT 2520
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGggGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360
 55 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540
 TGACAAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTTGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720
 10 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780
 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GCGCAATGA 840
 AAGTGTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTTA CAAAGTAATA 960
 AAAAAGCAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020
 TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTTA 1080
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTT TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 676 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120
 CACTTGATGA CCAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180
 TGTAATTTC ACCAATGTTG TGTMTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240
 50 CGGTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTCT AGCGCTTCA CTTCTTCTCT 300
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTCTTCTA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360
 55 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGTKAT CACTMGAGTT GGKTTATGGA AKAAAATGKA 540
 AAtTTTGCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600
 5 TTTTGTTCTT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACCTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGTTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAGTAC 60
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTTCTCCT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGcATTGAA 300
 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTCTT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360
 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTa ATGTTTTTTTT CTAATAACTC 420
 KAAAGTCTCA GCTGtAAAAg TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 894 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60
 CTTGTTGTGA AACGAACTCT TGGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTAa AAGATCTCCT 120
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480
 5 TGATACGATT TTAATAATTTT ATTCACTACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCACTAAAC 600
 10 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAATAAAC ATCTGCAGTG 660
 TTAATATCAG TCGTkgCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACnCC 840
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 441 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180
 35 TAATTTAAAA TTAATAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300
 TGATTTTTCA GATTCATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAna GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1205 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

AAGTCGTTCA TCTTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC 120
 TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTGTG CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT 180
 5 GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTTAAACATT TGAAAGAAAT 240
 ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTTC TTGAAAAAAC 300
 GTTGAACCTT ATTTAAAGGT TGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTCAAT AAAGATTGGA 360
 10 ACTTTTGTA ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTGGAAGTC TAATCATAA TCCGTAGTAT 420
 CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCACTA AATCACCTTT ATATTAGTT TCTTGGCGAT 480
 15 ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA 540
 TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT 600
 TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA 660
 20 TTTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTTGA 720
 AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAAAAAG CACACTGTCT TTAAATATT 780
 TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGATGCAG TTATCATTTG TTTAAATTCT ATTCTCATGAT 840
 25 TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA 900
 ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTTC CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA 960
 30 TTTAAAAATAG TGTTTCGTAAG TGTTTGTAT TATTGAATTG TGTTAAATG TTATGGAATA 1020
 AGAGGAGGAT TAAGCATGSG TTTWTATATT AATGAAATTA AATTAAAGA TGACATACTT 1080
 TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT 1140
 35 AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT 1200
 TTCGT 1205

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 570 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50 TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT 60
 AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT 120
 55 TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA 180

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300
 TGrTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480
 10 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540
 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 939 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120
 TTTATTCCTG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACTTTA 180
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTAATTCTAT ATCGTTTTGC GTACTATTTT 240
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGtKt ACGATGCTTT tATATGATGG 480
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTT 600
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660
 45 GTTAGCTATT ATTTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCCGT AGAGCGAATA GGTTGAAACG 720
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

(A) LENGTH: 1059 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: lin ar

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10	GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA	60
	TATGATAATG GAAACATTTA TGTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT	120
	TTATGGGGCG CTGAAaGTyG GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG	180
15	TTTGGACTAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTACA	240
	GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC	300
	AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGCG CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA	360
20	TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAAATATTA	420
	TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT	480
25	ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT	540
	AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTIONTATC TTCATGCACT	600
	TTAATTCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG	660
30	TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT	720
	ATAAAATTTA TTCtTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG	780
	CTTCTATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTTT GAAATTCTCT	840
35	ATGTTGGGGC CCCGCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTGGGTCA	900
	ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA	960
	TTCCCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTT	1020
40	TTTAAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT	1059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55	GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTCGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG	60
----	--	----

TTCAACTkGC TTTTATTCT TTTGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360
 10 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420
 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480
 ATGTTTTCa GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 796 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60
 30 AATTACGCA ATTTGACAG GAAAAATCCA AGATTGTCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120
 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240
 35 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT 300
 GTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA 360
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAT 420
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600
 45 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTT TGTCACCAAC 660
 AAGACGCGAT AAACCTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720
 50 ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaNa AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGATG 780
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

55

(A) LENGTH: 1095 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10	AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
	TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTTAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTIA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATT TGTGTTTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
25	ATAGAGTTTC TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTT TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATTC CCAATCATCT AAATTTTCAGT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTTCAGT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAy	1020
40	CTyCAAATTG AAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTAAATA TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTCA TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240
 AGTCTTGC GA TTAATACTT CCACAAATG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300
 ATTTTTCGGA TGAATATTTG AATTCGCGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360
 10 AAACCTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTTCA TAATTAATTT 480
 15 GTnGATTTn 489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1287 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTTGTTGA AAAATTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60
 30 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120
 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240
 35 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTCGCAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGCTCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480
 AGaCwTaCaw TmCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720
 50 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780
 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTTCTCTT GGAATGCTTT 900

TGCGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080
 5 ATCTCGATAA TGKTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200
 10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAAC TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260
 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240
 CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTTGGA 360
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420
 ATTGTCGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTTCC ACCTATTCAA 540
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAACCG CTATTTTAA TCGTTCTTTA 660
 AAACTAAAAA CAAGTCATTT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCATTTT 840
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AACTATTGG TCTATTATGT 900
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTAAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960
 ACTTGTAATT ATTTTAAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTTAAT AATTACACC AAATTAATAG 1140
 CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTC ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200
 5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTT 60
 20 AACTTTATCA ATCTCATTAT CTTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTTGCTAG 120
 AGCTTGTTTCG TGTCTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180
 TGTAAACAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240
 25 CATCATTGTT CTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300
 TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360
 30 ATTCTTGAGT CTCCTGCAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420
 ATGACTCTGC CTTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60
 45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120
 AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180
 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240
 50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300
 ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCCC AAAGTGTCGT TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG	AATAAGTCAT	TAGCCGCTTT	TAAGCCTTCT	TCTTTTCGAT	CTACAACAAG	60
	TAAAATAAAT	GGCTTTAACG	CTTCTTCTTT	TTCACCTTCA	AGCATATCTG	GTTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT	GGAGATTTC	ATCCATTATT	ATCGCTCATT	TCAATAATTG	CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC	ATACTTGCAA	TAGCCTGTTT	TGCATTTTCT	TGAAGGAAAT	ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA	TGCTTATTTA	ATGTACTTAA	TGTAATCGGT	GTAATGTCTT	TCTCATAAGA	300
	CACITCAATC	ACTGTACTAT	TTGTTCTACC	AGGAATTGGT	GGTTTTTCAT	GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT	CCAATTCCAA	CGACAGATTG	ATTTTTCGTT	CGATTATAAA	AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT	TCTAACTGAG	TATAAAAATG	ATAACCATTA	CGTTTAATAC	CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA	ATCGTATATT	GGTTTCCAGG	TTCAAATTCT	TCAGTTTCAG	CTAAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT	ATCTTAATTT	CGCCTTTACC	AAGACCACTT	ATTAAATCAA	ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTTGA	TTGAACAATG	TCTCTTTCAT	ATnACTTATA	CGAAATTCCA	AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA	TAATCTGCTG	TTAATGGTTT	CAATTGTTCA	TTAAAACGAA	ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT	TGTGCACCTG	TTTCAACACT	AATAATTTCA	CCACATCCAA	GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA	ACTTGATAAA	AGATGACTTG	ATCTCCTACT	TTAGCCTTTT	TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA	GATGGGTAA	AATGTGCGCC	TGATTCAAAT	AAAGCTGTTT	GTCCTACTAA	900
	CGGTTCAATTA	TGATTCCAAC	GGTTATATCC	ACAATTCAAC	CAAAAATAAT	TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA	ATACTCCTTA	ACCTGAATAA	ATTTTAGAAA	CACTATGAAT	TACATTCTTT	1020
45	tAGTGTITCT	TATGCAGTTG	GACGCGTATG	CGAACAAC TG	TATACCCTTT	GTTCACTGCG	1080
	ATTTTAATCG	CATTTTCTAT	AACATTGTAG	CGCCCAGGAC	ATTAATTTAC	GTCCCAGACC	1140
	CTTATCGTTT	TCACTTCTAA	GTAAGTCGAA	CTATTTTGCT	TTACAACAAG	TGCGALTCTA	1200
50	AATACAGTTG	GACACACATA	CGAGCAACTG	TATACCTTTT	AATCAGTTTT	CTATATTTTA	1260
	TTTATTATAT	CTGTCTTAAT	GATAAAAATT	GTTACAACA	GTTTAACATA	TTTAGCTACC	1320

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCThAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 787 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTtagg 60
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCTG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300
GGATGTGGTC TCGGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTTGT AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTGT 600
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660
TTTCACAACG GGGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 830 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAATGAAG ACTATTTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360
 10 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420
 TGCAATTTAG GTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480
 CGCAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540
 15 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600
 GTTTGCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660
 TCGAGTTGCT CTTTAAATTT GGTAGATTG TTTTITAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780
 TCTAGTATGT CaGCGTCGct TTAGCATTAG AACTTAaTat TTatAcTCTT 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 412 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240
 GACTCATACG AATATTCATT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTtAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360
 45 ActAAATAAA AGGGkaCtat TTGaATCaAA CmATaTGtAT TAACCTTTTT TA 412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4709 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAGTC ATTACAGAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGAsAACA ATGGTCATGA AGCTGATTG AATGTACGTA TGACTTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAaTTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
50	TAAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGGC	1560
	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTG	1680

55

	GTCAAACACT	AATAATGGCG	AAACGAGTGT	GGCGCAAAAT	CCAGCACAAAC	AGGAAACGAC	1800
	ACAATCATCA	TCAACAAATG	CAACTACGGA	AGAAACGCCG	GTAAC TGGTG	AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG	AATCAAGCTA	ATACACCGGC	AACAAC TCAA	TCAAGCAATA	CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG	AATCAAACAA	GTAATGAAAC	GACTTCTAAT	GATACTAATA	CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA	CCTCAAAATT	CTACAAATGC	GGAAAATGTT	TCAACAACGC	AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA	ACACCTTCAA	ACAATGAATC	AGCTCCACAG	AGTACAGATG	CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT	AATCAAGCGG	TTAATACAAG	TGCGCCTAGA	ATGAGAGCAT	TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT	GCAGATGCAC	CGGTAGCTGG	CACAGATATT	ACGAATCAGT	TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT	ATTGACTCTG	GTACGACTGT	GTATCCGCAC	CAAGCAGGTT	ATGTCAAAC T	2280
	GAATTATGGT	TTTTTCAGTGC	CTAATTCTGC	TGTTAAAGGT	GACACATTCA	AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA	TTAAACTTAA	ATGGTGTAAC	TTCAACTGCT	AAAGTGCCAC	CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA	GTATTGGCAA	ATGGTGTAAT	CGATAGTGAT	GGTAATGTTA	TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT	GTAAATACTA	AAGATGATGT	AAAAGCAACT	TTGACCATGC	CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA	AATGTTAAAA	AGACAGGTAA	TGTGACATTG	GCTACTGGCA	TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC	AAAACAGTAT	TAGTAGATTA	TGAAAAATAT	GGTAAGTTTT	ATAACTTATC	2640
30	TATTAAAGGT	ACAATTGACC	AAATCGATAA	AACAAATAAT	ACGTATCGTC	AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA	AGTGGAGATA	ACGTTATTGC	GCCGGTTTTA	ACAGGTAATT	TAAAACCAA	2760
	TACGGATAGT	AATGCATTAA	TAGATCAGCA	AAATACAAGT	ATTAAAGTAT	ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT	GATTTATCTG	AAAGTTACTT	TGTGAATCCA	GAAAAC TTTG	AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG	AATATTACAT	TCCCAAATCC	AAATCAATAT	AAAGTAGAGT	TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA	ATTACAACAC	CGTATATAGT	AGTTGTTAAT	GGTCATATTG	ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT	TTAGCTTTAC	GTTCAACTTT	ATATGGGTAT	AACTCGAATA	TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA	TGGGACAACG	AAGTAGCATT	TAATAACGGA	TCAGGTTCTG	GTGACGGTAT	3120
45	CGATAAACCA	GTTGTTCC TG	AACAACCTGA	TGAGCCTGGT	GAAATTGAAC	CAATTCCAGA	3180
	GGATT CAGAT	TCTGACCCAG	GTT CAGATT C	TGGCAGCGAT	TCTAATTCAG	ATAGCGGTTC	3240
	AGATT CGGGT	AGTGATTCTA	CATCAGATAG	TGGTTCAGAT	TCAGCGAGTG	ATTCAGATT C	3300
50	AGCAAGTGAT	TCAGACTCAG	CGAGTGATT C	AGATT CAGCA	AGCGATTCCG	ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC	TCAGACAATG	ACTCGGATT C	AGATAGCGAT	TCTGACTCAG	ACAGTGACT C	3420
55	AGATTCCGAC	AGTGACTCAG	ATTCAGATAG	CGATTCTGAC	TCAGACAGTG	ACTCGGATT C	3480

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTC 3600
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTC 3660
 5 AGACAGCGAT TCAGATTAGC ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCCGACAG 3720
 TGACTCGGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTC CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840
 10 CGACAGTGAC TCGGATTAGC ATAGCGACTC AGACTCGGAT AGCGACTCGG ATTCAGATAG 3900
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGATTC AGACAGCGAT TCAGATTAGC ACAGCGACTC 3960
 15 AGACAGTGAC TCAGATTAGC ATAGTGACTC GGATTCCGAG AGTGATTAGC ACTCAGGTAG 4020
 TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC 4200
 AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260
 AAAAAAGAA AATAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTC 4320
 25 ATGAAGnAac rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCAAATAT ATTGTTTGAA 4380
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440
 TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTGTTTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500
 30 AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT 4560
 TTGGGAAAGT AATCGTGCGA GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620
 35 TCGTTGAAAC TGACTAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680
 TTGGATGATT TCAATATGGT CcHTTCCCA 4709

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1554 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

50 CTTTTTTAAt TAwCgGaAta TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60
 CATTTaATAA gCgCTTCaCc ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120
 CAGTAACTAA GCGCAATTTc AGGTTGATTc ATAACAAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT 180

55

	CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA	300
	TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC	360
5	ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTITAGTTA AAGTAATTTT AAGTAYACGT	420
	GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT	480
	AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA	540
10	GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTTGTCTC TTTTAAAAAT TTGTCTTTAC AATATATTCCG	600
	TTTGTAAGyT TTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTAC	660
15	AAACCTATT C ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAAA CGCCTCAAAC	720
	CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT	780
	TTAATTAAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT	840
20	CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA	900
	AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaA CGTAATCATT AACGGTTTAA	960
	TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA	1020
25	CaCCAGTTCC aAGTACTTca CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA	1080
	ACATACTAGC CAATAAAACT CCAATCATAC TACCCGGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC	1140
	CAAAAAGAAC TCTTAAATTT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA	1200
30	CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA	1260
	GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTATTGTC AATTAAAAGT GCAGTTATAG	1320
35	CCAGTTTTCT TGATTTTATA TGATTGTTCT CCTTTTTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT	1380
	GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAATTG	1440
	ATTGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC	1500
40	TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA	1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 638 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCAAT GTTTGTATAG 60

EP 0 786 519 A2

	TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC	180
	TGTTCTTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCTCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAAAGCG	240
5	TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGOTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT	300
	GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG	360
	TTTCGATTTC TGACTGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCT AACCTTGTTT CTGAGCATGA	420
10	ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA	480
	CGCTCTGAGC TGCTCGTTCG GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG	540
	TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTCCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT	600
15	GTTcGAATTk CAACaGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA	638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1242 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

	AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCGTGA GGGGCTTTTT TGACTTTAGG ATTTGTCATT	60
30	TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTGTA	120
	TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA	180
	AAACTTAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA	240
35	AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA	300
	AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAATAATCA	360
40	TAACCCATAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA	420
	AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT	480
	TCATTTAATG TACTTATTAG AACAACTTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAACTGA	540
45	ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTAATGAc AATCATACAC CTTTTGATAA	600
	TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA	660
	AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG	720
50	AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT	780
	GTCAGAAGCT GAATTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA	840

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTATG ATGAACAGTA 960
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020
 5 CGTTTTCAAA TGGGTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080
 AGCCTTTTTA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaaaaat 1200
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 744 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120
 ATGGGATCAA ATCCAACCTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180
 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240
 30 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420
 ACAATTCCCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCGTGAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720
 45 GTTTCtnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1449 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAACCTCT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAACT TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
10	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTTT TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
	GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTCAT TACATTGTCT GTTGCGTATA TACCGTGTTT GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
15	CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTTTCG TTTTGTCTTT	420
	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTTT	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGTTTCGTT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTGCA TTTAGTATCC TCCTTTTTC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACCTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGTCTA	900
30	ACGCTTTCAC TACTTTTGG AACTCTTTGA TAGCACTtCG TAGCTTTTTA GTAATTTTAT	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTCGTTATT CATGCTTAGA TGTTTGTGTA	1020
35	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTGTCTCTG	1080
	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGTAGTTTTA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AAACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1170 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5 ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATTT GCTAAAAACC AATTACGTGA 60
 AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT ACACTTTAGA 120
 CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAGCAA AAGGTGATAC 180
 10 AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTCAGATA CTGTAATTCA 240
 TGGATCAGAT GTAGATTAG TAACTGGGT TGAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC 300
 TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT 360
 15 TTATAATGGA TCTGTAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC 420
 TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA 480
 20 TTATGTCAAA ATTATTAGTG TTCTTTCAAA TGGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC 540
 AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG 600
 AGATTTCAAT TATTTTGGA TTAACATATGA TGGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT 660
 25 TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA 720
 CAGTGCAATC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC 780
 AAAAGGTTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT 840
 30 GAAATGAGTT TAGAAGAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT 900
 TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGThCCAGAT 960
 TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCGCTT TTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA 1020
 35 AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA 1080
 AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT 1140
 40 TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT 1170

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA 60

	ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTTGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT	180
	ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTTATGTCT	240
5	TATGACGATA TCATTTTATT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT	300
	GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT	360
	GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAAACA	420
10	ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT	480
	TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAT CATTGAAAA CTTTGTCTT	540
	GCATCACCTG ATGATTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA	600
15	CAGatAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT	660
	ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA	720
20	TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG	780
	CATTTATACG TGAATCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG	840
	AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG	900
25	CGGATTTTAA TGATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA	960
	TGGAATTGAC ACAAAGCTGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT	1020
	TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA	1080
30	TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG	1140
	ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA	1200
	AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCCGA TTTTTAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC	1260
35	ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT	1320
	ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG	1380
40	CGCTAGACTA ATT	1393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1484 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACTTGAA AGATTTCCTC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

	AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT	180
	CAAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA	240
5	TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA	300
	TATtTGATTT AGAAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAAACGT AAAAAGATTT	360
	TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAAACTCAC GAAATTTTGT	420
10	TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT	480
	TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG	540
15	TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA	600
	GCAGTGGTGT TGTTcATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA	660
	AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG	720
20	ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA	780
	ATGACTCAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA	840
	GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA	900
25	CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTGGA AACAGCTTAA	960
	GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT	1020
	TCTATGAGAA TAGATATTGT TAAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA	1080
30	GAAGATTATT TAGTTCATAG TTAAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA	1140
	CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA	1200
	ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT	1260
35	TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA	1320
	ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT	1380
40	GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC	1440
	mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT	1484

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1435 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

55

	CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTTG TTTGATTTCC TTTTCAGTAT	120
	TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT	180
5	TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG	240
	CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG	300
	ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT	360
10	TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT	420
	TTTGGGCAGG TGAACCTTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG	480
	CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT	540
15	CATTAATAGT TACATGCCCG TTTTATTGTA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA	600
	AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG	660
20	CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA	720
	TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT	780
	CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC	840
25	TGCGAsTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTTGAAG ATCTATATCG	900
	ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGrTTTA ACACTTCTGA AGATGTAACT	960
	TTACCAGATT TGTCGGTTGT GTATTTcATT TCTTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA	1020
30	TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTCG GTGAATATCC TTTGGATAAG	1080
	TAATGTTCTG TCAATTCTTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA	1140
	CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT	1200
35	GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT	1260
	TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTcCT GGCATTcATC TCTCGAAAAA TAGCTAAAAC	1320
40	TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG	1380
	TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC	1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 516 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTTCG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTTG TTACGCGGTT CTTCAATTGA 240
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCATGA 300
 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360
 10 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420
 AGGCGTTCCA GAGaTGTATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60
 GTGCCAGAAC CAATAGtAct GGTcTAATGA TTTTGCACTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCACTTTT 180
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240
 35 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTTGGTCATT TTTTGTGCC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300
 AATAACTTTA GGATTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAATAA 480
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTTG 540
 TTTTGGCCCT TTATAAAATT GTCTTTTACT AACAGGATTT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600
 45 TGGTTTTAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660
 TGTTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTTGt TGCAACTCAT TACTCCATCC 720
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780
 50 TTCATACCAA GATTTCAATT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCA CCCCACCga CTCTATTCCA 900

EP 0 786 519 A2

5 AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTTGCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080
 ATTAAATGTT GGTCGCTGAC TGTATGcTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140
 CGCAAATAAA TCTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200
 10 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260
 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380
 15 AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTGGGATA 1440
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500
 TTTGTCCTGA TACGTTAAAT TTGTTCCCTT GCGTCCAAAT TCAATTTGGA AAGCTTTCTT 1560
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCCTCTGG CTTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620
 TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTTT 1680
 ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACC 1740
 25 ATCATATATC TTTCCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCATTGTC 1800
 CTTTCATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATTCCTTAA 1860
 AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 704 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

45 TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTGTTG TGCTTGCTCA TTTCTTGGCT 60
 CATTGTAGAC TAAATATAA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360

TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480
 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540
 5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600
 TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660
 10 GGTAAATCAA TGAACCAAT ATTAGAAATG ATtAAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGAATAAGCC TATAATACCC TTAAAcCTAT 60
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120
 25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTGTGCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTTCAAAA ATATAAATAA CACACTCTTA TCGTTTTCAA 360
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420
 CAAGAATACA TATAAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACAACTTC AAACCACTTC 480
 35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTAAAGATG CGGATATTGC 540
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600
 40 ATACAACCTA CTAAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTTCCT 660
 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTGTCAGTC 720
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCACTGT AAGTAAAAAA 840
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900
 TAGAAACCAC CTTCAGGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960
 50 TTCATTATTT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020
 CATCGATTAA TTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGGAAT AAATCTTnT AATTGTGGTG TGAAATAAAC 60
 ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC 120
 ATGTTTAGAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC 180
 CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATTT TATATTTTGT 240
 TTGTGCACCC TTTGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTTG CTCCGTCTGC 300
 AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTACTTG TTTCATGAAC 360
 ATGAACTATC GCAAGGTCTT CTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCITTA CGTCGTAGTT 420
 TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTTAA AAATATCATT 480
 ACTTTTAGCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTTA CCAACAACTA CACCAGTACC 540
 ACCCACAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC 600
 ATTCITTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGARg CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG 660
 AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTAAACCATT ACATTTTAT TCATATTTTA 720
 CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTTAC TATATACATT 780
 TTAAATAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACCACCTTAT nAACGTT 827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT 60
 ACCAATGTTT CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT 120

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480
 GATATTOGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAaaaaaAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTa TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720
 GCAATGGCCA TTTcATGTTc TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780
 20 GATGTCACGA TTCAAG 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1618 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTc ATCCCAaATT GaAAcAgAaA TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTA 60
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240
 AACCATTTAa CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480
 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540
 50 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600
 AGAATTACAA GTATTTTtag CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660
 55 CTTACaAtCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGT AGTATTGTTA 840
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTAATTGG GAGTAGGACA 1020
 10 GAGATGATAT TTTGCAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080
 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140
 ACAATAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200
 15 TTTGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAGA CATTGCCCCCT TCTACTGAGT 1260
 TGCACAAATG GTTCCAACAT GATCCTAAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500
 25 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560
 ACTTTAATAA TTAATAAAT TGGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAA 1618

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2115 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

40 ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60
 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120
 AACAGAGTAC GTTAAATCT GCATTTGCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtCA 240
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360
 50 ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAAAA GCTGTGAAAG 420
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCG 540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTTCGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTC TCTATATCTT 720
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTTA 780
 GGGAAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTtagTAA AAATGACAAA AATTGCATGT 840
 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATa 960
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTcATTtGT AAcCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080
 TATCTTTTTA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTtGTATTA TTAGCTATAG TGGTGAAAT 1380
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATTGCG 1500
 30 ACATTtGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAAAGTC ATTACTTGAA 1560
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740
 ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT 2040
 AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1003 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5	TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA	60
	ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA	120
	ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA	180
10	TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA	240
	ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT	300
	TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA	360
15	ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC	420
	AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA	480
20	ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG	540
	TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTC TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA	600
	CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG	660
25	GAAaGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC	720
	TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG	780
	AGCGTATGTG CTATTTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG	840
30	ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAATAACT TTCCCATCAG	900
	TCCAATTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG	960
35	TCTTGTGTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT	1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40	(A) LENGTH: 1097 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

45	GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATnGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG	60
50	GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA	120
	ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG	180
55	TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTAT CGTTAACTAT	240

CTTTTGTCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCACGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420
 5 GCTGTTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATACAGAGA GTTTGCTTGG 720
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGaGTAAAA GGATTCCGAC 780
 AGCtTGgAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020
 25 GACAACTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2031 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60
 AAGCTTTTTT TTTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGGA CTTTTTAATT CTTTTATTAA 120
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAACTC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTTGC 180
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAAG 240
 TTTGCCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300
 CGGTTTTATT TAAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTTGTC GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

	TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTT TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT	660
	CGGAACACTG ATAGCCAATT TGACTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC	720
5	AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG	780
	TGCTTTAACG ACTTTTTTCAA CATTTCAATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA	840
10	ATTTATAACT TTACTIONTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTATGTTA	900
	CGTCGGTATA AAAC TAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC	960
	GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT	1020
15	TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA	1080
	ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTA	1140
	GGTGGCTTAA CAAC TTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA	1200
20	TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT	1260
	TGTTATATTG GCTATCATAT TAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAATTTAC	1320
25	GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTTCATGCA ATTTTTAAGC ACCATATAAT	1380
	GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTTGCC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT	1440
	CCAAACTAGT CGAAAATAAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT	1500
30	AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAA	1560
	TGGCTTCGCT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGCTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG	1620
	GAGTCTCGCC ATTAATACTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTTACATA CTTTAAAAAA	1680
35	TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG	1740
	ATATTTTCGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT	1800
40	TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT	1860
	ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA	1920
	TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAAATCAAA CACCTTCTTA TAAAACTATT AATCGTTTTA	1980
45	GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C	2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 687 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GCGGTGTAA CCGCTACACT 60
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TCGGGGAGGC GGATTTGAAC CACCGACCTT 120
 5 CGGGTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTGA ATTTAATTTA 240
 AATGTTATCT CTTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGTACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360
 AAAAACGCTT CTTATTCCCT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540
 GTAGCCcAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCcNTACA CTAnCTATCG TGTCAATGTA TCTTGCATCC 660
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 843 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

35 GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACGTGTTG 60
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120
 40 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180
 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTTCAATTT CATCTAGCGG 480
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTTGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCCTC 540
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840
 TAA 843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAAG TTTTACATA TTTTCAACAA CTTTATTTC 60
 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGGAATA CCGATGTTGA TGTCACCTGTC GTTTTCGTTG 180
 TATTGCTCTT GGAAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTTGTA TCTTTTGCAC 240
 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTAAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360
 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGATGA AACCATTTTT 420
 CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540
 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTATATAAC 600
 TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAAT GCGCTAACAT 720
 TTCTTCTTTG ATTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60

TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT 240
 5 AATGGGATTC AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300
 GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360
 10 ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT 420
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCAATTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660
 CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720
 20 GTTTTATG 728

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 913 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAAAGACAC 120
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180
 40 CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC 300
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360
 45 GCTGTATTGC TAAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420
 ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTTCTAG AAGCTGTTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA 540
 50 ATAATGTTC AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660
 55 TCGATTTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTCCT 720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840
TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900
5 CGTAACCTTT GGC 913

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60
20 TTCCACCCCA TTACTTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120
TCTGTAAAAT CATTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180
ATCGTATTCG TTATTTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240
25 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300
GGCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360
30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAACAAGT ATTTTGGCGT 420
ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480
CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTACAAT TGTATTTCGAT 540
35 AGAGtAGgCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600
TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60
50 AGGnTGTAACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120
TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGGTGATGA CACCTAAAGA 360
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTTTCATCAA ATAAGCCACC 540
 CATTGgACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600
 AATACGATTG GAACATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1210 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CnCCAAATA TCCAAngGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAACT 60
 ATGGCATTTT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTA 120
 30 TTTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGtTCT AAAAATCTCT 180
 TAATAATTTA TTTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAACAA 240
 CGTTACAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTTGTTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360
 CATTTAATGG ATAATTGCT TGCCTAATTT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420
 CGTCACCTTC AAATTGTAAT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAATAAT GTACCTTCTG 480
 40 TGtCACCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATTT TTAATTTCTT 600
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAay TGCCAAGTCT GGTAAAGCTT 780
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT ATACTTACGT CTCATACGTT 840
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTTG 900
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960
 55

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAC CTACTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACTT TCTTGAATTT 1200
 TTAATGACGC 1210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 652 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTTcAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAACTTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240
 ATTCATTAAA CACTTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTgA TAATTCACta CCaAAAACAC 300
 30 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTcAGT 360
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTCTCTCA 420
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTT 540
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652
 40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 ThACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60
 TTCATCaTGG GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTGGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120
 55

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300
 5 TTAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGCTTT ATCTAACCAA 360
 GTGTTGATAA GTTCATTGG TACACCATCT AACAACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA 420
 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480
 10 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540
 CTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTC 600
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTtTA ATAAAAAGAG 660
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACTTTGT TAATTTTAAG GGACTAATtC AGGGATTtGG 780
 20 AGATTGCGCCG CTAACAGA 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1786 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60
 35 TCCGTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCG ATTATTAATA 180
 TCTGTGTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATTC 240
 40 ATCGTGAAAT CTCGTGCTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCAC TTC ATAAATTTtCA 360
 45 TCATtAAAAa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTtNACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420
 ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCACCT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA 540
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660
 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720
 55

	ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTTGA	840
	ACCAATTGGA ACGACGCCGT TwTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT	900
5	TTCACCTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT	960
	CCCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC	1020
10	TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC	1080
	AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA	1140
	CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG	1200
15	AAACTCATTT TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT	1260
	TTCATGTGTT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT	1320
	GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC	1380
20	GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA	1440
	AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC	1500
25	TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG	1560
	ATTCACCTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT	1620
	ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT	1680
30	GGCAATAATT CCAGAACAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCh TCATTTCGCTT	1740
	GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTChCTATG ATnCTCGATG CGTAGA	1786

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 844 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45	ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC	60
	TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT	120
	GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTTAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA	180
50	CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT	240
	GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA	300
55	CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC	360

TTACATTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTGCA ACATTCAGTT ATCAATGCA TTTGTAGTCA 540
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGLTA GGAGCATCAC TATTTTtCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAACCTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660
 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAAGTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720
 10 TTAAGTGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840
 15 TCAT 844

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60
 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120
 30 CAATAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTAATCCA CTACTTGACT CACGATTTGT 180
 CACTGTTAAT GATTCAGGTA CTTTAAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420
 40 GTCACCTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480
 CCTAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCAGTT 540
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTAATCATCA 60
 5 GAAAGTTTTG AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAACT 300
 AATACACATT TATTTGTTAA TAAAGTGTAT GCGGAAAT TAGATGCATC AATTGACTCA 360
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1871 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120
 35 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCCTA 180
 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAACTAGGT GGCATGTTAT 240
 TGCTTATTTT AAAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTG 300
 40 tGCATATGCA CAAATCTTA TGTGTTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360
 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAG 540
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTFA TTTTAGTATT 660
 50 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTCA GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140
 10 ATATAAGAAT TGTACAACCT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260
 TGCAAATACA GCGGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GCGGATAAGA TAACATTAGG 1440
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620
 25 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680
 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860
 AAGTAGTTnA A 1871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180
 50 CAGAAGAACA TCAAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGCAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCCG AAAGTGGA 360

ATTAGGGGGT GtTTnGtKtTn ATTTTTTTAA n

451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 665 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

15	CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT	60
	AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT	120
	GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT	180
20	GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTAATA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA	240
	TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTCA CTTTGCCTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA	300
	aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA	360
25	AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA	420
	GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA	480
30	TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA	540
	TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT	600
	GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA	660
35	GTAAT	665

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2549 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

	GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA	60
50	AGAAAAACA AATCGTCGTG TTAATTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA	120
	ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AWTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTTAACTT	180
	AATTCctGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT	240

	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCycGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTTCGTGTA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTAGTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTATTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
30	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAAGTG TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGA TGTCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGTAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnaAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

55

EP 0 786 519 A2

AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC 2160
TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACCTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA 2220
5 TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG 2280
AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAT TTCTAGAAGT TATAGTGATA 2340
AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG 2400
10 GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTAAATG CCAAATGTCA 2460
TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA 2520
15 CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG 2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2286 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA 60
TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA 120
30 TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACC AAT TCGAATATCT CTGTCATGAA 180
TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT 240
35 CTAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA 300
ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT 360
GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTTGATCTA AATCATTAAC CTTAATAACA ATCCCATCAA 420
40 TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTT AATATACTCT AAAACACCAT 480
CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATTTA TCTAACTCAT 540
CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA 600
45 ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG 660
CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC 720
50 GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT 780
TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TtaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG 840
TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG 900

EP 0 786 519 A2

	GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG	1020
	TGTCATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG	1080
5	AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT	1140
	TGTCATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT	1200
	GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT	1260
10	CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA	1320
	TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTCTT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC	1380
	AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTCG	1440
15	TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTGTGTATCG	1500
	TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTG TGAATTTCC TTTAAAAATC	1560
20	TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT	1620
	ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCAITT	1680
	CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA	1740
25	TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC	1800
	CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTACTAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA	1860
	TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT	1920
30	CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC	1980
	GATAGCCAGA CTTTTGTAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT	2040
35	CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTTGC ACCTTTTTTG	2100
	aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG	2160
	CATAGTTTTG AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTTTGA ACATTaATAA	2220
40	TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT	2280
	CTTTGA	2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 400 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC 120
 AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180
 5 GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTTTGGG 300
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360
 10 TTnATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 453 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC 120
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180
 AATTCTTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAATGG AATCATTTTA 240
 30 TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300
 TCAACAACCTT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT 360
 35 AAAACTGCTC CTCTrGATTG CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420
 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTAA AAT 453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1221 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60
 50 CTCAaTTCAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTTGCTT ATCTAATTCT 120
 GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTTG CCATCATTTG ATCAGGACGA 180

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300
 GTTTTGGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTT AATGTTTCGG GTGTTTTACC TTCAAGGTTT 480
 10 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTGG GAAATAATGA 900
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCmATAATTT 1080
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140
 30 TtCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200
 TTCCCATGTC ACTGCATAAC T 1221

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

TGGCCCAANT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60
 45 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATGTGTGTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTITAGCT AAAGAAAGTG 360

55